



①9 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 18 620 A 1**

⑳ Aktenzeichen: 198 18 620.7
㉔ Anmeldetag: 21. 4. 98
㉕ Offenlegungstag: 28. 10. 99

㉖ Int. Cl.⁶:
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04
C 12 N 15/11
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
// (C12N 1/21, C12R
1:19)G01N 33/68,
33/15

DE 198 18 620 A 1

㉗ Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

㉘ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

㉙ Erfinder:
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

㉚ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Normal

㉛ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasenor-
malgewebe, die für die Genprodukte oder Teile davon ko-
dieren, und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 18 620 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasen tumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasen tumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 24-127.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 24-127.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 24-127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, die im Blasen normalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-127 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, pX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrec99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWNeo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte

Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung. Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie *E. coli* oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 128-390.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 128-390 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 128-390 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasen tumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen tumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 128-390 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1-127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebs ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (**Fig. 3**). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. **Fig. 4a** und **Fig. 4b**). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. **Fig. 4b**).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 1 gefunden, die 12,2 .x stärker im normalen Blasengewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| Blase | 0.0312 | 0.0026 | 12.203 0.0819 | 5 |
| Brust | 0.0064 | 0.0056 | 1.1342 0.8817 | |
| Duennndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0156 | 0.3838 2.6058 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0201 | 0.3396 2.9444 | |
| Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0111 | 0.0226 | 0.4909 2.0372 | |
| Haematopoetisch | 0.0107 | 0.0379 | 0.2823 3.5422 | |
| Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0095 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0173 | 0.0234 | 0.7380 1.3551 | |
| Lunge | 0.0083 | 0.0184 | 0.4516 2.2144 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0230 | 0.0000 undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0120 | 0.9994 1.0006 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0274 | 0.2974 3.3626 | 20 |
| Pankreas | 0.0083 | 0.0110 | 0.7479 1.3371 | |
| Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0106 | 0.4095 2.4423 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0204 | 0.7482 1.3366 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0036 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0139 | | | |
| Cervix | 0.0000 | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0083 | |
| Gehirn | 0.0063 | |
| Haematopoetisch | 0.0157 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | |
| Lunge | 0.0253 | |
| Nebenniere | 0.0507 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0182 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0377 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0051 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0035 | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0171 | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | |
| Hoden | 0.0077 | |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0090 | 60 |
| Prostata | 0.0068 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0042 | |

In analoger Verfahrungsweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0741 | 0.0102 | 7.2459 | 0.1380 |
| | Brust | 0.0102 | 0.0038 | 2.7221 | 0.3674 |
| | Duendarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0046 | 0.8283 | 1.2072 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0021 | 0.3600 | 2.7779 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0052 | 0.0061 | 0.8467 | 1.1810 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0060 | 0.5711 | 1.7510 |
| | Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 |
| 20 | Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0267 | 0.4493 | 2.2259 |
| | Prostata | 0.0109 | 0.0064 | 1.7060 | 0.5862 |
| | Uterus Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0052 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0278 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 |
| 40 | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 |
| 45 | Placenta | 0.0061 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0032 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0010 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0042 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0585 | 0.0153 | 3.8136 | 0.2622 | 5 |
| Brust | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duenn darm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0204 | 0.0100 | 2.0377 | 0.4907 | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0046 | 1.6567 | 0.6036 | |
| Gehirn | 0.0059 | 0.0092 | 0.6400 | 1.5626 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0085 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0173 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0104 | 0.0020 | 5.0803 | 0.1968 | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0217 | 0.0068 | 3.1722 | 0.3152 | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0654 | 0.0362 | 1.8064 | 0.5536 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0204 | 0.3741 | 2.6732 | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.1908 | 0.0000 | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0803 | | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0106 | | | | |

| FOETUS | | | | |
|-------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung | 0.0139 | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0083 | | | 40 |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 45 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0124 | | | 50 |
| Placenta | 0.0000 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0000 | | | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| Foetal | 0.0128 | | | 60 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0162 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 65 |
| Lunge | 0.0164 | | | |
| Nerven | 0.0050 | | | |
| Prostata | 0.0205 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | 65 |
| Uterus_n | 0.0333 | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0351 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herr-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0077 | 0.0075 | 1.0208 | 0.9796 | |
| Duennndarm | 0.0092 | 0.0165 | 0.5561 | 1.7982 | |
| Eierstock | 0.0150 | 0.0182 | 0.8223 | 1.2161 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0025 | 2.0377 | 0.4907 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0081 | 0.0072 | 1.1314 | 0.8839 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0037 | 0.2542 | 0.0144 | 69.2517 | |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 | |
| Herz | 0.0042 | 0.0275 | 0.1542 | 6.4853 | 15 |
| Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0042 | 0.0061 | 0.6774 | 1.4763 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Pankreas | 0.0033 | 0.0110 | 0.2991 | 3.3428 | |
| Penis | 0.0060 | 0.0267 | 0.2246 | 4.4517 | |
| Prostata | 0.0065 | 0.0085 | 0.7677 | 1.3026 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0043 | | | | |
| Zervix | 0.0106 | | | | |

| | FOETUS | |
|------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestin | 0.0028 | |
| Gehirn | 0.0125 | |
| Haematopoetisch | 0.0118 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefasse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0108 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0251 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0136 | 50 |
| Eierstock_n | 0.1595 | |
| Eierstock_t | 0.0152 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0105 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0114 | |
| Haut-Muskel | 0.0259 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0164 | |
| Nerven | 0.0120 | 60 |
| Prostata | 0.0205 | |
| Sinnesorgane | 0.0077 | |
| Uterus_n | 0.0167 | |
| | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0390 | 0.0026 | 15.2544 | 0.0656 |
| | Brust | 0.0460 | 0.0056 | 8.1663 | 0.1225 |
| | Duendarm | 0.0123 | 0.0331 | 0.3707 | 2.6973 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0050 | 2.3774 | 0.4206 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0052 | 0.0072 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0294 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0143 | 0.0065 | 2.2059 | 0.4533 |
| 15 | Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0240 | 0.4283 | 2.3347 |
| 20 | Niere | 0.0516 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0064 | 0.6824 | 1.4654 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0270 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0381 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.1087 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0319 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0557 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0498 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0251 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0272 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0101 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0116 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0194 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0151 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0208 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0351 | 0.0026 | 13.7290 | 0.0728 | 5 |
| Brust | 0.0051 | 0.0038 | 1.3611 | 0.7347 | |
| Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0046 | 1.2425 | 0.8048 | |
| Gehirn | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Herz | 0.0021 | 0.0137 | 0.1542 | 6.4853 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef | |
| Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef | 25 |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0063 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | 45 |
| Niere | 0.0062 | |
| Placenta | 0.0061 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | 50 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0047 | 60 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | |
| Hoden | 0.0000 | 65 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0040 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | 65 |
| Uterus_n | 0.0042 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0051 | 0.4320 | 2.3149 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0041 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0043 | 1.5354 | 0.6513 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | undef | undef |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0139 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0032 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0040 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0273 | 0.0026 | 10.6781 | 0.0936 | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 | 0.7347 | |
| Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0052 | 1.1513 | 0.8686 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0046 | 0.8283 | 1.2072 | 10 |
| Gehirn | 0.0037 | 0.0051 | 0.7200 | 1.3890 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0379 | 0.0000 | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef | 15 |
| Lunge | 0.0042 | 0.0020 | 2.0321 | 0.4921 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0060 | 0.8567 | 1.1673 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0267 | 0.0000 | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0085 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0052 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0061 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0101 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0490 | 55 |
| Foetal | 0.0017 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0114 | |
| Haut-Muskel | 0.0194 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0040 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0273 | 0.0051 | 5.3391 | 0.1873 |
| | Brust 0.0115 | 0.0038 | 3.0624 | 0.3265 |
| | Duennndarm 0.0061 | 0.0165 | 0.3707 | 2.6973 |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0052 | 0.5756 | 1.7372 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0034 | 0.0050 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0038 | 0.0046 | 0.8283 | 1.2072 |
| | Gehirn 0.0037 | 0.0041 | 0.8999 | 1.1112 |
| | Haematopoetisch 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| | Lunge 0.0042 | 0.0061 | 0.6774 | 1.4763 |
| | Magen-Speiserohre 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0017 | 0.0060 | 0.2856 | 3.5020 |
| | Niere 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 |
| 20 | Pankreas 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata 0.0087 | 0.0085 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0119 | | | |
| | Samenblase 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0017 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |

| | FOETUS |
|----|--------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0028 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0260 |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0036 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0254 |
| 45 | Niere 0.0124 |
| | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0249 |
| | Sinnesorgane 0.0126 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0272 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0203 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0047 |
| | Gastrointestinal 0.0122 |
| | Haematopoetisch 0.0228 |
| 60 | Haut-Muskel 0.0130 |
| | Hoden 0.0077 |
| | Lunge 0.0082 |
| | Nerven 0.0080 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| 65 | Uterus_n 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0026 | 7.6272 | 0.1311 | 5 |
| Brust | 0.0051 | 0.0019 | 2.7221 | 0.3674 | |
| Duennndarm | 0.0123 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0030 | 0.0104 | 0.2878 | 3.4745 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0221 | 0.0226 | 0.9811 | 1.0192 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0231 | 0.2485 | 4.0241 | 10 |
| Gehirn | 0.0074 | 0.0082 | 0.8999 | 1.1112 | |
| Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0259 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0074 | 0.0137 | 0.5397 | 1.8529 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0062 | 0.0082 | 0.7621 | 1.3122 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0136 | 0.0137 | 0.9913 | 1.0088 | 20 |
| Pankreas | 0.0066 | 0.0110 | 0.5983 | 1.6714 | |
| Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0131 | 0.0043 | 3.0709 | 0.3256 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | |
| Zervix | 0.0106 | | | | |

| | FOETUS | | |
|-------------------|--------------|--|----|
| | %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0056 | | |
| Gehirn | 0.0125 | | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | | |
| Haut | 0.0000 | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | |
| Lunge | 0.0072 | | |
| Nebenniere | 0.0254 | | |
| Niere | 0.0185 | | |
| Placenta | 0.0000 | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0099 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0100 | 60 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0077 | |
| Uterus_n | 0.0125 | |
| | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0858 | 0.0358 | 2.3971 | 0.4172 |
| | Brust | 0.0435 | 0.0338 | 1.2854 | 0.7779 |
| | Duennndarm | 0.0276 | 0.0165 | 1.6683 | 0.5994 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0182 | 0.6579 | 1.5201 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0290 | 0.0176 | 1.6496 | 0.6062 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0594 | 0.0231 | 2.5679 | 0.3894 |
| | Gehirn | 0.0333 | 0.0657 | 0.5062 | 1.9754 |
| | Haematopoetisch | 0.0134 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0514 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0381 | 0.0129 | 2.9412 | 0.3400 |
| 15 | Herz | 0.0413 | 0.0275 | 1.5034 | 0.6652 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0384 | 0.0164 | 2.3497 | 0.4256 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0290 | 0.0307 | 0.9454 | 1.0578 |
| | Muskel-Skelett | 0.0188 | 0.0360 | 0.5235 | 1.9102 |
| 20 | Niere | 0.0217 | 0.0548 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0132 | 0.0166 | 0.7977 | 1.2536 |
| | Penis | 0.0779 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0632 | 0.0447 | 1.4136 | 0.7074 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0068 | 3.3668 | 0.2970 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0306 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0416 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0595 | | | |
| | Samenblase | 0.0712 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0087 | | | |
| | Zervix | 0.0426 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0250 |
| | Gehirn | 0.0063 |
| | Haematopoetisch | 0.0118 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0108 |
| | Nebenniere | 0.1014 |
| 45 | Niere | 0.0185 |
| | Placenta | 0.0242 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0628 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.1293 |
| | Eierstock_n | 0.1595 |
| | Eierstock_t | 0.0101 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0490 |
| | Foetal | 0.0338 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0162 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0301 |
| | Prostata | 0.0410 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0624 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| Blase | 0.0468 | 0.0077 | 6.1018 0.1639 | 5 |
| Brust | 0.0294 | 0.0075 | 3.9130 0.2556 | |
| Duenndarm | 0.0184 | 0.0165 | 1.1122 0.8991 | |
| Eierstock | 0.0090 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0050 | 1.6981 0.5889 | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0192 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0059 | 0.0062 | 0.9599 1.0417 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0808 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 undef | |
| Herz | 0.0540 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Lunge | 0.0156 | 0.0082 | 1.9051 0.5249 | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0077 | 2.5211 0.3967 | |
| Muskel-Skelett | 0.1216 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0274 | 0.0000 undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 undef | 25 |
| Penis | 0.1587 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0087 | 0.0106 | 0.8189 1.2211 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0338 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0457 | 0.0272 | 1.6834 0.5940 | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0357 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0160 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0208 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| Zervix | 0.0426 | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0167 | |
| Gehirn | 0.0063 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0249 | |
| Lunge | 0.0108 | |
| Nebenniere | 0.0254 | 45 |
| Niere | 0.0062 | |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0249 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0029 | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0244 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0032 | |
| Hoden | 0.0309 | 60 |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0090 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0077 | 65 |
| Uterus_n | 0.0208 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0351 | 0.0026 | 13.7290 | 0.0728 |
| | Brust | 0.0102 | 0.0075 | 1.3611 | 0.7347 |
| | Duennndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0026 | 3.4538 | 0.2895 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0025 | 2.0377 | 0.4907 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 |
| 15 | Herz | 0.0233 | 0.0137 | 1.6961 | 0.5896 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0135 | 0.0041 | 3.3022 | 0.3028 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0634 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0359 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0218 | 0.0043 | 5.1181 | 0.1954 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0139 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0071 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0507 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0029 |
| | Gastrointestinal | 0.0244 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0181 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0583 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.1209 | 0.0383 | 3.1526 | 0.3172 | 5 |
| Brust | 0.0333 | 0.0338 | 0.9830 | 1.0173 | |
| Duennndarm | 0.0215 | 0.0662 | 0.3244 | 3.0827 | |
| Eierstock | 0.0180 | 0.0234 | 0.7675 | 1.3029 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0460 | 0.0802 | 0.5731 | 1.7448 | |
| Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0231 | 0.4142 | 2.4145 | 10 |
| Gehirn | 0.1464 | 0.2382 | 0.6144 | 1.6275 | |
| Haematopoetisch | 0.0174 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0551 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0904 | 0.2006 | 0.4507 | 2.2189 | |
| Herz | 0.0307 | 0.1924 | 0.1597 | 6.2617 | 15 |
| Hoden | 0.0345 | 0.0234 | 1.4759 | 0.6775 | |
| Lunge | 0.0177 | 0.0286 | 0.6169 | 1.6210 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0460 | 0.4202 | 2.3799 | |
| Muskel-Skelett | 0.0891 | 0.0240 | 3.7122 | 0.2694 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0411 | 0.1983 | 5.0439 | 20 |
| Pankreas | 0.0248 | 0.0331 | 0.7479 | 1.3371 | |
| Penis | 0.0689 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0327 | 0.0106 | 3.0709 | 0.3256 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0270 | 0.1583 | 0.1707 | 5.8579 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0408 | 0.3741 | 2.6732 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0866 | 0.0954 | 0.9074 | 1.1021 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0288 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0386 | | | | |
| Samenblase | 0.4183 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0588 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0426 | | | | |

| FOETUS | | | | |
|-------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0111 | | | |
| Gehirn | 0.0063 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| Lunge | 0.0108 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0185 | | | |
| Placenta | 0.0242 | | | 45 |
| Prostata | 0.1247 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0000 | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| Foetal | 0.0012 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0244 | | | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0164 | | | |
| Nerven | 0.0100 | | | 60 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n | 0.0125 | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0390 | 0.0051 | 7.6272 | 0.1311 |
| | Brust 0.0141 | 0.0075 | 1.8715 | 0.5343 |
| | Duendarm 0.0215 | 0.0165 | 1.2976 | 0.7707 |
| | Eierstock 0.0000 | 0.0078 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe 0.0170 | 0.0577 | 0.2953 | 3.3861 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0172 | 0.0324 | 0.5325 | 1.8779 |
| | Gehirn 0.1294 | 0.0318 | 4.0643 | 0.2460 |
| | Haematopoetisch 0.0094 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz 0.0138 | 0.0275 | 0.5011 | 1.9955 |
| | Hoden 0.0230 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge 0.0166 | 0.0164 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre 0.0290 | 0.0077 | 3.7816 | 0.2644 |
| | Muskel-Skelett 0.0240 | 0.0120 | 1.9989 | 0.5003 |
| 20 | Niere 0.0163 | 0.0137 | 1.1896 | 0.8406 |
| | Pankreas 0.0099 | 0.0055 | 1.7949 | 0.5571 |
| | Penis 0.0539 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata 0.0174 | 0.0128 | 1.3648 | 0.7327 |
| | Uterus_Endometrium 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium 0.0152 | 0.0068 | 2.2445 | 0.4455 |
| | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0119 | | | |
| | Samenblase 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0588 | | | |
| 30 | Weisse_Elutkoerperchen 0.0173 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |

| | FOETUS |
|----|--------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0083 |
| | Gehirn 0.1376 |
| | Haematopoetisch 0.0039 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0107 |
| | Lunge 0.0253 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| 45 | Niere 0.0062 |
| | Placenta 0.0121 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0126 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0093 |
| | Gastrointestinal 0.0244 |
| | Haematopoetisch 0.0399 |
| | Haut-Muskel 0.0097 |
| 60 | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0082 |
| | Nerven 0.0442 |
| | Prostata 0.0274 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| 65 | Uterus_n 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------|--------------|--------------|----------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| Blase | 0.0273 | 0.0026 | 10.6781 0.0936 | 5 |
| Brust | 0.0307 | 0.0038 | 8.1663 0.1225 | |
| Duendarm | 0.0061 | 0.0165 | 0.3707 2.6973 | |
| Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 undef | |
| Gastrointestinal | 0.0249 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0015 | 0.0010 | 1.4399 0.6945 | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0367 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 undef | |
| Herz | 0.0148 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| Lunge | 0.0062 | 0.0020 | 3.0482 0.3281 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0274 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0120 | 0.0267 | 0.4493 2.2259 | |
| Prostata | 0.0087 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0288 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | 30 |
| Zervix | 0.0106 | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0111 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0062 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0204 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0051 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0047 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0083 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0585 | 0.0230 | 2.5424 | 0.3933 |
| | Brust 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm 0.0368 | 0.0165 | 2.2244 | 0.4496 |
| | Eierstock 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe 0.0051 | 0.0025 | 2.0377 | 0.4907 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0115 | 0.0046 | 2.4850 | 0.4024 |
| | Gehirn 0.0022 | 0.0031 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis 0.0509 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata 0.0218 | 0.0149 | 1.4623 | 0.6838 |
| | Uterus_Endometrium 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium 0.0229 | 0.0543 | 0.4208 | 2.3761 |
| | Uterus_allgemein 0.0407 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0059 | | | |
| | Samenblase 0.0356 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | | |
| | Zervix 0.0106 | | | |

| | FOETUS |
|----|--------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0036 |
| | Lunge 0.0108 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| 45 | Niere 0.0000 |
| | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0068 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| 55 | Eierstock_t 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0052 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel 0.0000 |
| | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0030 |
| | Prostata 0.0137 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| 65 | Uterus_n 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0390 | 0.0128 | 3.0509 | 0.3278 | 5 |
| Brust | 0.0153 | 0.0094 | 1.6333 | 0.6123 | |
| Duennndarm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0090 | 0.0026 | 3.4538 | 0.2895 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0075 | 0.0000 | undef | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0230 | 0.0093 | 2.4850 | 0.4024 | |
| Gehirn | 0.0052 | 0.0072 | 0.7200 | 1.3890 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hepatisch | 0.0143 | 0.0259 | 0.5515 | 1.8133 | |
| Herz | 0.0106 | 0.0137 | 0.7710 | 1.2971 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0042 | 0.0020 | 2.0321 | 0.4921 | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0870 | 0.0153 | 5.6724 | 0.1763 | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0607 | 0.0272 | 36.7712 | 25 |
| Penis | 0.0419 | 0.0800 | 0.5241 | 1.9079 | |
| Prostata | 0.0392 | 0.0298 | 1.3161 | 0.7598 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0473 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0136 | 1.6834 | 0.5940 | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0069 | | | | |
| Zervix | 0.0106 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointental | 0.0167 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | |
| Lunge | 0.0145 | |
| Nebenniere | 0.0254 | 45 |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0061 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0408 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0203 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0099 | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0389 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0246 | |
| Nerven | 0.0070 | |
| Prostata | 0.0068 | |
| Sinnesorgane | 0.0077 | 65 |
| Uterus_n | 0.0333 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0429 | 0.0153 | 2.7966 | 0.3576 |
| | Brust | 0.0141 | 0.0282 | 0.4991 | 2.0038 |
| | Duenndarm | 0.0307 | 0.0165 | 1.8537 | 0.5395 |
| | Eierstock | 0.0300 | 0.0390 | 0.7675 | 1.3029 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0409 | 0.0176 | 2.3288 | 0.4294 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0230 | 0.0139 | 1.6567 | 0.6036 |
| | Gehirn | 0.0200 | 0.0298 | 0.6703 | 1.4919 |
| | Haematopoetisch | 0.0160 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0257 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0143 | 0.0259 | 0.5515 | 1.8133 |
| 15 | Herz | 0.0339 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0288 | 0.0234 | 1.2299 | 0.8130 |
| | Lunge | 0.0270 | 0.0409 | 0.6604 | 1.5141 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0483 | 0.0230 | 2.1009 | 0.4760 |
| | Muskel-Skelett | 0.0394 | 0.0240 | 1.6419 | 0.6090 |
| 20 | Niere | 0.0244 | 0.0205 | 1.1896 | 0.8406 |
| | Pankreas | 0.0198 | 0.0276 | 0.7180 | 1.3928 |
| | Penis | 0.0359 | 0.0533 | 0.6739 | 1.4839 |
| | Prostata | 0.0305 | 0.0255 | 1.1942 | 0.8374 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0270 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0534 | 0.0272 | 1.9640 | 0.5092 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0954 | 0.0534 | 18.7357 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0384 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0595 | | | |
| | Samenblase | 0.0267 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0286 | | | |
| | Zervix | 0.0426 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0222 |
| | Gehirn | 0.0063 |
| | Haematopoetisch | 0.0079 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0285 |
| | Lunge | 0.0470 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0247 |
| | Placenta | 0.0121 |
| | Prostata | 0.0249 |
| | Sinnesorgane | 0.0377 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0244 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0065 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0080 |
| | Prostata | 0.0205 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0250 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 | 0.7347 | 5 |
| Duenn darm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0150 | 0.2264 | 4.4166 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0139 | 0.0000 | undef | |
| Gehirn | 0.0177 | 0.0031 | 5.7597 | 0.1736 | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Herz | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef | 15 |
| Lunge | 0.0031 | 0.0123 | 0.2540 | 3.9367 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | |
| Lunge | 0.0036 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0061 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0012 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0070 | |
| Prostata | 0.0068 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0125 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0021 | 0.3600 | 2.7779 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0068 | 2.2445 | 0.4455 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0023 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0390 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef | |
| Duennndarm | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0115 | 0.0046 | 2.4850 | 0.4024 | |
| Gehirn | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0240 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0065 | 0.0064 | 1.0236 | 0.9769 | 25 |
| Uterus_Endometrium | 0.0338 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0475 | 0.4810 | 2.0791 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | | 30 |
| Samenblase | 0.0267 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0106 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 40 |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | 45 |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0249 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0006 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 60 |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0068 | 65 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24.

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0351 | 0.0051 | 6.8645 | 0.1457 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0056 | 0.4537 | 2.2042 |
| | Duennndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0130 | 0.6908 | 1.4477 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0075 | 0.9057 | 1.1042 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0172 | 0.0139 | 1.2425 | 0.8048 |
| | Gehirn | 0.0044 | 0.0082 | 0.5400 | 1.8520 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0117 | 1.4759 | 0.6775 |
| | Lunge | 0.0042 | 0.0143 | 0.2903 | 3.4446 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0060 | 1.4278 | 0.7004 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0205 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0110 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0128 | 0.6824 | 1.4654 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0139 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0071 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0254 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0101 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0181 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0114 |
| | Haut-Muskel | 0.0130 |
| 60 | Hoden | 0.0154 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0060 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0416 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 5 |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_r | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0429 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0026 | 1.1513 | 0.8686 |
| | Endokrines Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0043 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0139 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0260 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0171 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0042 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| Blase | 0.0312 | 0.0000 | undef 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0090 | 0.0056 | 1.5879 0.6298 | |
| Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0052 | 1.1513 0.8686 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0075 | 0.4528 2.2083 | |
| Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0030 | 0.0051 | 0.5760 1.7362 | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 15 |
| Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 1.9684 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0290 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 1.2610 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0065 | 0.0043 | 1.5354 0.6513 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0039 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0125 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0260 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0126 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0245 | 55 |
| Foetal | 0.0064 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0114 | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | |
| Hoden | 0.0154 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0050 | |
| Prostata | 0.0205 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0167 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0429 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | undef | undef |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0312 | 0.0051 | 6.1018 | 0.1639 | 5 |
| Brust | 0.0307 | 0.0019 | 16.3327 | 0.0612 | |
| Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0075 | 0.0000 | undef | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0093 | 0.6213 | 1.6096 | |
| Gehirn | 0.0015 | 0.0062 | 0.2400 | 4.1669 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hepatisch | 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 | 0.6800 | |
| Herz | 0.0138 | 0.0412 | 0.3341 | 2.9932 | |
| Hoden | 0.0403 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0114 | 0.0061 | 1.8628 | 0.5368 | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0153 | 1.2605 | 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | 0.0274 | 0.0300 | 0.9138 | 1.0944 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0050 | 0.0331 | 0.1496 | 6.6857 | 25 |
| Penis | 0.0359 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0686 | 0.0679 | 1.0100 | 0.9901 | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0458 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0213 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0111 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | |
| Lunge | 0.0036 | |
| Nebenniere | 0.0000 | 45 |
| Niere | 0.0124 | |
| Placenta | 0.0061 | |
| Prostata | 0.0249 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | 50 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0051 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0023 | 60 |
| Gastrointestinal | 0.0122 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0097 | |
| Hoden | 0.0077 | 65 |
| Lunge | 0.0410 | |
| Nerven | 0.0010 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0250 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0273 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0021 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0056 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0041 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0010 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0125 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duenndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0033 | 0.0055 | 0.5983 | 1.6714 | 25 |
| Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 40 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | |
| Lunge | 0.0072 | |
| Nebenniere | 0.0254 | 45 |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0499 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | 50 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0012 | 60 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 65 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | 65 |
| Uterus_n | 0.0000 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0026 | 9.1527 | 0.1093 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0121 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0052 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0057 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0032 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0077 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duendarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0104 | 0.5756 | 1.7372 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0150 | 0.5660 | 1.7667 | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0139 | 0.1381 | 7.2434 | 10 |
| Gehirn | 0.0037 | 0.0010 | 3.5998 | 0.2778 | |
| Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0173 | 0.0117 | 1.4759 | 0.6775 | |
| Lunge | 0.0042 | 0.0061 | 0.6774 | 1.4763 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef | |
| Niere | 0.0109 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0063 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| | | | | | 50 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 55 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | |
| Foetal | 0.0023 | | | | 60 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0130 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0082 | | | | 65 |
| Nerven | 0.0070 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0042 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0042 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2856 | 3.5020 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | 45 |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0035 | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0032 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0020 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0310 | 65 |
| Uterus_n | 0.0042 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0038 | | 0.0038 | | 1.0208 | 0.9796 | |
| Duennndarm | 0.0184 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0090 | | 0.0052 | | 1.7269 | 0.5791 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0068 | | 0.0025 | | 2.7170 | 0.3681 | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0057 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0089 | | 0.0144 | | 0.6171 | 1.6205 | |
| Haematopoetisch | 0.0040 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0037 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 15 |
| Hepatisch | 0.0095 | | 0.0065 | | 1.4706 | 0.6800 | |
| Herz | 0.0095 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0115 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0135 | | 0.0123 | | 1.1007 | 0.9085 | 20 |
| Magen-Speiseroehre | 0.0097 | | 0.0077 | | 1.2605 | 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | | 0.0120 | | 0.2856 | 3.5020 | |
| Niere | 0.0054 | | 0.0068 | | 0.7930 | 1.2610 | |
| Pankreas | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 25 |
| Penis | 0.0060 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0022 | | 0.0149 | | 0.1462 | 6.8384 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | | 0.0136 | | 0.5611 | 1.7821 | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | | 0.1908 | | 0.1334 | 7.4943 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0104 | | | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | | | |

| FOETUS | | |
|-------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0056 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0118 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefaesse | 0.0036 | |
| Lunge | 0.0108 | |
| Nebenniere | 0.0000 | 45 |
| Niere | 0.0062 | |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | 50 |
|-------------------------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.1595 | |
| Eierstock_t | 0.0253 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0116 | |
| Gastrointestinal | 0.0366 | |
| Haematopoetisch | 0.0456 | |
| Haut-Muskel | 0.0162 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0221 | |
| Prostata | 0.0068 | |
| Sinnesorgane | 0.0077 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0273 | 0.0051 | 5.3391 | 0.1873 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0075 | 0.3403 | 2.9389 |
| | Duenndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0125 | 0.5434 | 1.8403 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0081 | 0.0031 | 2.6399 | 0.3788 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0257 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0042 | 0.0102 | 0.4064 | 2.4605 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0136 | 0.0205 | 0.6609 | 1.5132 |
| 20 | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0109 | 0.0021 | 5.1181 | 0.1954 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0528 | 0.1280 | 7.8106 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0056 |
| | Gehirn | 0.0125 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0507 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0164 |
| | Nerven | 0.0070 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 5 |
| Duendndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointental | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0050 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0031 | 0.2400 | 4.1669 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0041 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0056 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0072 |
| | Nebenniere | 0.0254 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0035 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0227 |
| 60 | Hoden | 0.0077 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0050 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0077 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEO, ID, NO: 41

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| Blase | 0.0234 | 0.0026 | 9.1527 | 0.1093 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Duenn darm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Gehirn | 0.0081 | 0.0010 | 7.9196 | 0.1263 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | |

| | FOETUS | |
|------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefasse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 45 |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | 50 |
|-------------------------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0006 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0030 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duendarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0042 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 | 0.7347 | |
| Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0093 | 0.2071 | 4.8289 | |
| Gehirn | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0052 | 0.0041 | 1.2701 | 0.7873 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0060 | 1.1422 | 0.8755 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 | 3.3428 | |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef | 25 |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | 30 |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | 40 |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | |
| Lunge | 0.0036 | |
| Nebenniere | 0.0000 | 45 |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0152 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0244 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 60 |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0010 | |
| Prostata | 0.0068 | 65 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0042 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0390 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefasse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | 45 |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0035 | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0077 | 65 |
| Uterus_n | 0.0000 | |

DE 198.18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointental | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_i | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0273 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| | | | | | 50 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 55 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | |
| Foetal | 0.0000 | | | | 60 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | 65 |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0273 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0052 | 0.5756 | 1.7372 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0021 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0278 |
| | Gastrointental | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0072 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0061 |
| | Prostata | 0.0249 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0017 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0060 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Duenn darm | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0060 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 15 |
| Haut | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 20 |
| Lunge | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 25 |
| Pankreas | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 30 |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | 35 |
| Samenblase | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | | | 40 |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | 45 |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | 50 |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | 55 |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | 60 |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | 65 |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0078 | 0.7675 | 1.3029 | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0025 | 1.3585 | 0.7361 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0022 | 0.0021 | 1.0799 | 0.9260 | 15 |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 30 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0166 | 0.0000 | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 35 |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 40 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 45 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Elutkoerperchen | 0.0026 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | 50 |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 40 |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | 45 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 50 |
| Placenta | 0.0061 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | 55 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0136 | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 60 |
| Foetal | 0.0041 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | 65 |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | 65 |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0068 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | 65 |
| Uterus_n | 0.0000 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0312 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0032 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0020 | 60 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | |
| | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0093 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0057 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0093 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0043 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0228 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0040 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 | |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 | |
| Lunge | 0.0010 | 0.0041 | 0.2540 | 3.9367 | | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef | | |
| Penis | 0.0000 | 0.0267 | 0.0000 | undef | | |
| Prostata | 0.0065 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 30 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef | | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | 35 | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 40 | |
| Zervix | 0.0000 | | | | | |
| FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 45 | |
| Gastrointestenstinal | 0.0000 | | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 50 | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | | | |
| Lunge | 0.0036 | | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | 55 | |
| Niere | 0.0000 | | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 60 | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| Foetal | 0.0000 | | | | 65 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | |
| Hoden | 0.0077 | | | | 70 | |
| Lunge | 0.0000 | | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 75 | |
| Uterus n | 0.0000 | | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0026 | 9.1527 | 0.1093 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duendarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0273 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 40 |
| Gastrointenstinal | 0.0028 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 45 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefaessee | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | 50 |
| Niere | 0.0000 | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | |
| Foetal | 0.0000 | | | | 60 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 65 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus n | 0.0000 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0038 | 1.3611 | 0.7347 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0021 | 1.0799 | 0.9260 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.1595 |
| | Eierstock_t | 0.0203 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0070 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0061 | 0.0165 | 0.3707 | 2.6973 | |
| Eierstock | 0.0030 | 0.0052 | 0.5756 | 1.7372 | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0075 | 0.4528 | 2.2083 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0046 | 0.0000 | undef | |
| Gehirn | 0.0067 | 0.0051 | 1.2959 | 0.7716 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef | |
| Lunge | 0.0031 | 0.0061 | 0.5080 | 1.9684 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0077 | 1.2605 | 0.7933 | 20 |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0120 | 0.2856 | 3.5020 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0068 | 1.1896 | 0.8406 | |
| Pankreas | 0.0066 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | | 30 |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 40 |
| Gastrointestenstinal | 0.0056 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | 45 |
| Herz-Blutgefaessee | 0.0036 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | | 50 |
| Prostata | 0.0249 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 55 |
| Brust | 0.0000 | | | | 60 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0152 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | |
| Foetal | 0.0064 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | 65 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0130 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0082 | | | | |
| Nerven | 0.0010 | | | | |
| Prostata | 0.0068 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0042 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0010 | 2.1599 | 0.4630 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0043 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0063 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0351 | 0.0051 | 6.8645 | 0.1457 | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0075 | 0.3403 | 2.9389 | |
| Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 | |
| Gehirn | 0.0015 | 0.0041 | 0.3600 | 2.7779 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 | |
| Lunge | 0.0042 | 0.0041 | 1.0161 | 0.9842 | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0120 | 0.0000 | undef | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | | |
| Weisse_Elutkoerperchen | 0.0009 | | | | |
| Zervix | 0.0106 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0278 | | | | 40 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 45 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | 50 |
| Niere | 0.0000 | | | | |
| Placenta | 0.0061 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 55 |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | 60 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | |
| Foetal | 0.0012 | | | | 65 |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0097 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 70 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0050 | | | | |
| Prostata | 0.0068 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 75 |
| Uterus_n | 0.0042 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | | 0.0060 | | 0.0000 | undef | |
| Niere | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Penis | 0.0030 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | | | |
| FOETUS | | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0077 | | | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0026 | 9.1527 | 0.1093 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0390 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0235 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| FOETUS | | | | |
|-------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0036 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | 45 |
| Niere | 0.0000 | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | 50 |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0000 | | | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| Foetal | 0.0000 | | | 60 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 65 |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | 65 |
| Uterus_n | 0.0000 | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointental | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|-----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0858 | 0.0077 | 11.1866 | 0.0894 | 5 |
| Brust | 0.0102 | 0.0075 | 1.3611 | 0.7347 | |
| Duennndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0260 | 0.2303 | 4.3431 | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0125 | 0.5434 | 1.8403 | |
| Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0278 | 0.1381 | 7.2434 | |
| Gehirn | 0.0022 | 0.0144 | 0.1543 | 6.4818 | 15 |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0379 | 0.0353 | 28.3379 | |
| Haut | 0.0734 | 0.1695 | 0.4332 | 2.3084 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0194 | 0.0000 | undef | 20 |
| Herz | 0.0159 | 0.0137 | 1.1565 | 0.8647 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0468 | 0.0000 | undef | |
| Lunge | 0.0073 | 0.0164 | 0.4445 | 2.2496 | 25 |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0230 | 0.0000 | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0180 | 0.3807 | 2.6265 | |
| Niere | 0.0163 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 30 |
| Pankreas | 0.0066 | 0.0055 | 1.1966 | 0.8357 | |
| Penis | 0.0210 | 0.0267 | 0.7862 | 1.2719 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 | 35 |
| Uterus_Endometrium | 0.0338 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 | |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 40 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 45 |
| Sinnesorgane | 0.0235 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | 50 |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Entwicklung | 0.0139 | | | | 55 |
| Gastrointestenstinal | 0.0028 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | 60 |
| Haut | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefaessee | 0.0462 | | | | 65 |
| Lunge | 0.0036 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 70 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 75 |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | 80 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0051 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | | 85 |
| Foetal | 0.0128 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | 90 |
| Haut-Muskel | 0.0227 | | | | |
| Hoden | 0.0154 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | 95 |
| Nerven | 0.0171 | | | | |
| Prostata | 0.0068 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0155 | | | | 100 |
| Uterus n | 0.0000 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duendarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | 60 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | |
| | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0585 | 0.0077 | 7.6272 | 0.1311 |
| | Brust | 0.0192 | 0.0019 | 10.2079 | 0.0980 |
| | Duenn darm | 0.0123 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0052 | 1.7269 | 0.5791 |
| | Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0075 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0307 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0118 | 0.0062 | 1.9199 | 0.5209 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0190 | 0.0065 | 2.9412 | 0.3400 |
| 15 | Herz | 0.0244 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0041 | 0.2540 | 3.9367 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0509 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0153 | 0.0085 | 1.7913 | 0.5582 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0320 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0238 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0167 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0061 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0251 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0204 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0101 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0082 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0162 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0040 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0155 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 35 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 40 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 45 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 50 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 55 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 60 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 65 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | 45 |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | 50 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0012 | 60 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 65 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0702 | 0.0026 | 27.4580 | 0.0364 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0379 | 0.0000 | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0061 | 0.3387 | 2.9526 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0267 | 0.0000 | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0351 | 0.0051 | 6.8645 | 0.1457 | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 | 0.7347 | |
| Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0104 | 0.0000 | undef | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0093 | 0.2071 | 4.8289 | |
| Gehirn | 0.0067 | 0.0010 | 6.4796 | 0.1543 | 15 |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Herz | 0.0117 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0010 | 0.0041 | 0.2540 | 3.9367 | 25 |
| Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0077 | 1.2605 | 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0054 | 0.0137 | 0.3965 | 2.5219 | 30 |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 35 |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 40 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 45 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointental | 0.0056 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 40 |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | 45 |
| Lunge | 0.0072 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 50 |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0101 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 60 |
| Foetal | 0.0087 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | 65 |
| Haut-Muskel | 0.0130 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0090 | |
| Prostata | 0.0068 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0458 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0093 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0412 | 0.0257 | 38.9118 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0278 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0351 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 30 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointental | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | 45 |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0000 | 55 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | 65 |
| Uterus_n | 0.0000 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0624 | 0.0102 | 6.1018 | 0.1639 |
| | Brust | 0.0141 | 0.0056 | 2.4953 | 0.4008 |
| | Duenndarm | 0.0215 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0150 | 0.0078 | 1.9188 | 0.5212 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0187 | 0.0050 | 3.7359 | 0.2677 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0307 | 0.0139 | 2.2089 | 0.4527 |
| | Gehirn | 0.0214 | 0.0082 | 2.6099 | 0.3832 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0190 | 0.0065 | 2.9412 | 0.3400 |
| 15 | Herz | 0.0360 | 0.0137 | 2.6213 | 0.3815 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0083 | 0.0041 | 2.0321 | 0.4921 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0171 | 0.0060 | 2.8555 | 0.3502 |
| 20 | Niere | 0.0136 | 0.0548 | 0.2478 | 4.0351 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0387 | 0.2137 | 4.6800 |
| | Penis | 0.0150 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0064 | 1.3648 | 0.7327 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0288 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.1246 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0108 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0077 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0010 |
| | Prostata | 0.0205 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0390 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0273 | 0.0026 | 10.6781 | 0.0936 | 5 |
| Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 | 1.4722 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0229 | 0.0031 | 7.4396 | 0.1344 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0052 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0061 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0068 | | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0253 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0006 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0201 | | | | |
| Prostata | 0.0068 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0310 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| FOETUS | | | | | |
|-------------------|--------------|--|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | 50 |
|-------------------------------------|--------------|--|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0273 | 0.0051 | 5.3391 | 0.1873 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0041 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0139 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefasse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 45 |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0043 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointental | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0052 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0386 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0208 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | | | |
| | | | | | | | |
| FOETUS | | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| | | | | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0312 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0010 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0010 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0312 | 0.0051 | 6.1018 | 0.1639 |
| | Brust | 0.0102 | 0.0113 | 0.9074 | 1.1021 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0125 | 0.4075 | 2.4537 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0067 | 0.0329 | 0.2025 | 4.9386 |
| | Haematopoetisch | 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0330 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0333 | 0.0323 | 1.0294 | 0.9714 |
| 15 | Herz | 0.0127 | 0.0137 | 0.9252 | 1.0809 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0156 | 0.0082 | 1.9051 | 0.5249 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0120 | 0.4283 | 2.3347 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0205 | 0.1322 | 7.5658 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0110 | 0.4487 | 2.2286 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0267 | 0.2246 | 4.4517 |
| | Prostata | 0.0131 | 0.0128 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0208 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0147 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0056 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0079 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0072 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0545 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0340 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0608 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0198 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0171 |
| | Haut-Muskel | 0.0032 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0020 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0697 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0166 | 0.0226 | 0.7372 | 1.3564 | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0165 | 0.0000 | undef | |
| Eierstock | 0.0270 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0238 | 0.0276 | 0.8645 | 1.1567 | |
| Gastrointestinal | 0.0115 | 0.0093 | 1.2425 | 0.8048 | 10 |
| Gehirn | 0.0089 | 0.0072 | 1.2342 | 0.8102 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0220 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0143 | 0.0518 | 0.2757 | 3.6266 | |
| Herz | 0.0148 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0230 | 0.0117 | 1.9679 | 0.5082 | |
| Lunge | 0.0218 | 0.0266 | 0.8207 | 1.2185 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0120 | 0.9994 | 1.0006 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0137 | 0.5948 | 1.6813 | 20 |
| Pankreas | 0.0149 | 0.0221 | 0.6731 | 1.4857 | |
| Penis | 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0240 | 0.0213 | 1.1260 | 0.8881 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0340 | 0.6734 | 1.4851 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0204 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0224 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0208 | | | | |
| Samenblase | 0.0445 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0235 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | |
| Zervix | 0.0213 | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 35 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 40 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 45 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 50 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 55 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 60 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 65 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0026 | 7.6272 | 0.1311 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0094 | 0.5444 | 1.8368 |
| | Duennndarm | 0.0092 | 0.0165 | 0.5561 | 1.7982 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0150 | 0.7925 | 1.2619 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0103 | 0.2880 | 3.4724 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0052 | 0.0020 | 2.5402 | 0.3937 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0120 | 0.1428 | 7.0040 |
| 20 | Niere | 0.0081 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0055 | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0043 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0381 | 0.0068 | 5.6113 | 0.1782 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0095 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.2513 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0185 |
| | Placenta | 0.0061 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0204 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0709 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0070 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0228 |
| | Haut-Muskel | 0.0194 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0010 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0250 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0351 | 0.0026 | 13.7290 | 0.0728 | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0094 | 0.2722 | 3.6736 | |
| Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0075 | 0.0000 | undef | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0093 | 0.0000 | undef | |
| Gehirn | 0.0037 | 0.0051 | 0.7200 | 1.3890 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hepatisch | 0.0190 | 0.0129 | 1.4706 | 0.6800 | |
| Herz | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 | |
| Lunge | 0.0021 | 0.0061 | 0.3387 | 2.9526 | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef | |
| Niere | 0.0081 | 0.0068 | 1.1896 | 0.8406 | |
| Pankreas | 0.0050 | 0.0166 | 0.2991 | 3.3428 | 25 |
| Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0106 | 0.4095 | 2.4423 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| FOETUS | | | | |
|-------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| Gehirn | 0.0063 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0062 | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0251 | | | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0000 | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | 55 |
| Foetal | 0.0116 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0194 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 60 |
| Lunge | 0.0082 | | | |
| Nerven | 0.0010 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0155 | | | |
| Uterus_n | 0.0208 | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0090 | 0.0094 | 0.9527 | 1.0496 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0153 | 0.0176 | 0.8733 | 1.1451 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0185 | 0.5177 | 1.9316 |
| | Gehirn | 0.0081 | 0.0031 | 2.6399 | 0.3788 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0052 | 0.0020 | 2.5402 | 0.3937 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0055 | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis | 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0064 | 0.3412 | 2.9308 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0528 | 0.2561 | 3.9053 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0136 | 0.5611 | 1.7821 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0139 |
| | Gastrointental | 0.0083 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0071 |
| | Lunge | 0.0072 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0061 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0251 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0099 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0324 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0328 |
| | Nerven | 0.0141 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0167 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0064 | 0.0038 | 1.7013 | 0.5878 | |
| Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0030 | 0.0156 | 0.1919 | 5.2117 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0136 | 0.0251 | 0.5434 | 1.8403 | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0134 | 0.0139 | 0.9664 | 1.0348 | |
| Gehirn | 0.0074 | 0.0277 | 0.2667 | 3.7502 | |
| Haematopoetisch | 0.0134 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 | |
| Herz | 0.0127 | 0.0412 | 0.3084 | 3.2426 | |
| Hoden | 0.0115 | 0.0585 | 0.1968 | 5.0816 | |
| Lunge | 0.0104 | 0.0204 | 0.5080 | 1.9684 | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0230 | 0.8404 | 1.1900 | |
| Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0240 | 0.4997 | 2.0011 | |
| Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 | |
| Pankreas | 0.0083 | 0.0331 | 0.2493 | 4.0114 | 25 |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0240 | 0.0277 | 0.8661 | 1.1545 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0178 | | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0113 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0111 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | |
| Lunge | 0.0181 | |
| Nebenniere | 0.0000 | 45 |
| Niere | 0.0124 | |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0249 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | 50 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0051 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0012 | 60 |
| Gastrointestinal | 0.0122 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | |
| Hoden | 0.0000 | 65 |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0070 | |
| Prostata | 0.0068 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0113 | 0.2268 | 4.4083 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0026 | 2.3025 | 0.4343 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0100 | 1.1887 | 0.8413 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0229 | 0.0062 | 3.7198 | 0.2688 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0847 | 0.0000 | undef |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0041 | 1.5241 | 0.6561 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0137 | 0.1983 | 5.0439 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0055 | 0.5983 | 1.6714 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0064 | 0.6824 | 1.4654 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0528 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0136 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0954 | 0.0534 | 18.7357 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0557 |
| | Gastrointestinal | 0.0083 |
| | Gehirn | 0.0188 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0254 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0251 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 |
| | Foetal | 0.0175 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0114 |
| | Haut-Muskel | 0.0389 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0164 |
| | Nerven | 0.0251 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0310 |
| 65 | Uterus_n | 0.0208 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------|--------------|--------------|----------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| Blase | 0.0312 | 0.0026 | 12.2035 0.0819 | 5 |
| Brust | 0.0166 | 0.0132 | 1.2638 0.7912 | |
| Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0090 | 0.0026 | 3.4538 0.2895 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0025 | 3.3962 0.2944 | |
| Gastrointestinal | 0.0115 | 0.0231 | 0.4970 2.0121 | 10 |
| Gehirn | 0.0074 | 0.0082 | 0.8999 1.1112 | |
| Haematopoetisch | 0.0120 | 0.0379 | 0.3176 3.1487 | |
| Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Herz | 0.0085 | 0.0275 | 0.3084 3.2426 | 15 |
| Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Lunge | 0.0104 | 0.0061 | 1.6934 0.5905 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0180 | 0.2856 3.5020 | |
| Niere | 0.0109 | 0.0274 | 0.3965 2.5219 | 20 |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Penis | 0.0150 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0224 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| Samerblase | 0.0089 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| Weisse_Elutkoerperchen | 0.0113 | | | 30 |
| Zervix | 0.0106 | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0139 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0111 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0260 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | |
| Lunge | 0.0036 | |
| Nebenniere | 0.0507 | |
| Niere | 0.0247 | 45 |
| Placenta | 0.0061 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0051 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0035 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | |
| Haut-Muskel | 0.0130 | 60 |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0040 | |
| Prostata | 0.0205 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0042 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0056 | 0.9074 | 1.1021 |
| | Duenpdarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0026 | 1.1513 | 0.8686 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0075 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0051 | 0.5760 | 1.7362 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0137 | 0.1542 | 6.4853 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0052 | 0.0041 | 1.2701 | 0.7873 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0136 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0065 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0030 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0125 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0234 | 0.0026 | 9.1527 | 0.1093 | 5 |
| Brust | 0.0077 | 0.0094 | 0.8166 | 1.2245 | |
| Duenn darm | 0.0123 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Endokrines Gewebe | 0.0034 | 0.0050 | 0.6792 | 1.4722 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0139 | 0.4142 | 2.4145 | |
| Gehirn | 0.0015 | 0.0021 | 0.7200 | 1.3890 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0129 | 0.3676 | 2.7200 | |
| Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0052 | 0.0020 | 2.5402 | 0.3937 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0077 | 1.2605 | 0.7933 | 20 |
| Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0137 | 0.5948 | 1.6813 | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0166 | 0.0000 | undef | |
| Penis | 0.0150 | 0.0800 | 0.1872 | 5.3421 | |
| Prostata | 0.0109 | 0.0085 | 1.2795 | 0.7815 | 25 |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | 30 |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0078 | | | | |
| Zervix | 0.0213 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0056 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 40 |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0108 | |
| Nebenniere | 0.0000 | 45 |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0408 | 50 |
| Eierstock_n | 0.1595 | |
| Eierstock_t | 0.0101 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0029 | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 60 |
| Haut-Muskel | 0.0130 | |
| Hoden | 0.0154 | |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 65 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0010 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0021 | 3.0709 | 0.3256 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0260 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0204 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0070 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0030 |
| | Prostata | 0.0137 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0312 | 0.0051 | 6.1018 | 0.1639 |
| | Brust | 0.0102 | 0.0056 | 1.8147 | 0.5510 |
| | Duenn darm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0180 | 0.0104 | 1.7269 | 0.5791 |
| | Endokrines Gewebe | 0.0085 | 0.0176 | 0.4852 | 2.0611 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0172 | 0.0046 | 3.7275 | 0.2683 |
| | Gehirn | 0.0126 | 0.0123 | 1.0199 | 0.9804 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0758 | 0.0529 | 18.8919 |
| | Haut | 0.0257 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0138 | 0.0275 | 0.5011 | 1.9955 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0145 | 0.0102 | 1.4225 | 0.7030 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0206 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0190 | 0.0137 | 1.3878 | 0.7206 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0110 | 0.4487 | 2.2286 |
| | Penis | 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0136 | 1.1223 | 0.8911 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0353 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0043 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0056 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0260 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0185 |
| | Placenta | 0.1030 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0251 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0204 |
| | Eierstock_n | 0.1595 |
| | Eierstock_t | 0.0253 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0192 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0057 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0324 |
| | Hoden | 0.0154 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0151 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0077 |
| 65 | Uterus_n | 0.0208 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0115 | | 0.0132 | | 0.8750 | 1.1429 | |
| Duenn darm | 0.0092 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0090 | | 0.0052 | | 1.7269 | 0.5791 | |
| Endokrines Gewebe | 0.0034 | | 0.0050 | | 0.6792 | 1.4722 | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0115 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0030 | | 0.0041 | | 0.7200 | 1.3890 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0073 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | | 0.0129 | | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0127 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | | 0.0117 | | 0.0000 | undef | |
| Lunge | 0.0042 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0097 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | 0.0051 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0027 | | 0.0068 | | 0.3965 | 2.5219 | |
| Pankreas | 0.0050 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 25 |
| Penis | 0.0180 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0109 | | 0.0085 | | 1.2795 | 0.7815 | |
| Uterus Endometrium | 0.0068 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Uterus Myometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 30 |
| Uterus allgemein | 0.0051 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| Weisse Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | | |
| Zervix | 0.0319 | | | | | | |

| FOETUS | | |
|------------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointensteinstinal | 0.0028 | |
| Gehirn | 0.0125 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefavesse | 0.0107 | |
| Lunge | 0.0108 | |
| Nebenniere | 0.0254 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0121 | 45 |
| Prostata | 0.0249 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | 50 |
|-------------------------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0051 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0099 | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0259 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0100 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0042 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0312 | 0.0077 | 4.0678 | 0.2458 |
| | Brust | 0.0192 | 0.0019 | 10.2079 | 0.0980 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0390 | 0.1535 | 6.5146 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0075 | 0.9057 | 1.1042 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0046 | 1.2425 | 0.8048 |
| | Gehirn | 0.0118 | 0.0164 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0080 | 0.0379 | 0.2117 | 4.7230 |
| | Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0191 | 0.0275 | 0.6939 | 1.4412 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0239 | 0.0102 | 2.3370 | 0.4279 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0307 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0240 | 0.2142 | 4.6693 |
| 20 | Niere | 0.0081 | 0.0137 | 0.5948 | 1.6813 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0110 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0021 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0204 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0320 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0178 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0087 | | | |
| | Zervix | 0.0319 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0278 |
| | Gastrointestinal | 0.0167 |
| | Gehirn | 0.0125 |
| | Haematopoetisch | 0.0079 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0213 |
| | Lunge | 0.0181 |
| | Nebenniere | 0.0507 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0121 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.2762 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0203 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 |
| | Foetal | 0.0198 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0171 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0161 |
| | Prostata | 0.0137 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0208 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 | |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Gehirn | 0.0015 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 30 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 35 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | | |
| FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 40 | |
| Gastrointental | 0.0000 | | | | | |
| Gehirn | 0.0063 | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 45 | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | 50 | |
| Niere | 0.0000 | | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 55 | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | | 60 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| Foetal | 0.0000 | | | | 65 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0032 | | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 70 | |
| Lunge | 0.0000 | | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 75 | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0038 | 0.0056 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duenndarm | 0.0061 | 0.0165 | 0.3707 | 2.6973 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0052 | 0.5756 | 1.7372 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0100 | 0.1698 | 5.8889 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0103 | 0.2160 | 4.6299 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0758 | 0.0353 | 28.3379 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0125 | 0.0061 | 2.0321 | 0.4921 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0137 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0221 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0021 | 3.0709 | 0.3256 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0528 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0095 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0056 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0759 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0057 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0164 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0274 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0507 | | 0.0179 | | 2.8330 | 0.3530 | 5 |
| Brust | 0.0153 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Duennndarm | 0.0276 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0270 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0119 | | 0.0075 | | 1.5849 | 0.6309 | |
| Gastrointestinal | 0.0096 | | 0.0046 | | 2.0708 | 0.4829 | 10 |
| Gehirn | 0.0044 | | 0.0010 | | 4.3198 | 0.2315 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 0.0065 | | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0201 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0115 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0073 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0580 | | 0.0230 | | 2.5211 | 0.3967 | |
| Muskel-Skelett | 0.0771 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | | 0.0068 | | 0.0000 | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0033 | | 0.0221 | | 0.1496 | 6.6857 | |
| Penis | 0.0210 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0174 | | 0.0106 | | 1.6378 | 0.6106 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | | 0.0068 | | 3.3668 | 0.2970 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0357 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0534 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | | | |

| FOETUS | | |
|------------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointensteinstinal | 0.0083 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefasse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0507 | |
| Niere | 0.0062 | |
| Placenta | 0.0242 | 45 |
| Prostata | 0.0748 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | 50 |
|-------------------------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Brust | 0.0816 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0041 | |
| Gastrointestinal | 0.0244 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0097 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0030 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0042 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0230 | 0.0038 | 6.1248 | 0.1633 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0136 | 0.0025 | 5.4340 | 0.1840 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0031 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0212 | 0.0137 | 1.5420 | 0.6485 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0156 | 0.0164 | 0.9526 | 1.0498 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0180 | 0.3807 | 2.6265 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0043 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0068 | 4.4891 | 0.2228 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0532 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0417 |
| | Gastrointestinal | 0.0056 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0213 |
| | Lunge | 0.0072 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0124 |
| | Placenta | 0.0121 |
| | Prostata | 0.0249 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0204 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0064 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0162 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0080 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0125 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------|--------------|--------------|----------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| Blase | 0.0312 | 0.0026 | 12.2035 0.0819 | 5 |
| Brust | 0.0051 | 0.0019 | 2.7221 0.3674 | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 1.4722 | |
| Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0022 | 0.0041 | 0.5400 1.8520 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0137 | 0.0771 12.9706 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 0.9842 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0000 | undef 0.0000 | 20 |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 3.3428 | |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 0.4885 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0254 | |
| Niere | 0.0124 | 45 |
| Placenta | 0.0121 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0340 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0012 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0020 | |
| Prostata | 0.0205 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0137 | 0.1542 | 6.4853 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0043 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0017 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0114 |
| | Haut-Muskel | 0.0065 |
| 60 | Hoden | 0.0154 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0312 | 0.0026 | 12.2035 | 0.0819 | 5 |
| Brust | 0.0102 | 0.0019 | 5.4442 | 0.1837 | |
| Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0037 | 0.0031 | 1.1999 | 0.8334 | 15 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0042 | 0.0020 | 2.0321 | 0.4921 | 25 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0180 | 0.0952 | 10.5060 | |
| Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 | 30 |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 | 3.3428 | |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 35 |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 40 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 45 |
| Sinnesorgane | 0.0706 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | 50 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 55 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 60 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 65 |
| | | | | | |
| | | | | | |

FOETUS

%Haeufigkeit

| | | |
|-------------------|--------|----|
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0167 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0036 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0062 | 45 |
| Placenta | 0.0667 | |
| Prostata | 0.0249 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

| | | |
|-------------------|--------|----|
| Brust | 0.0136 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0203 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0140 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0038 | 0.0000 | undef |
| | Duenn darm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0031 | 0.2400 | 4.1669 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Flutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0026 | 7.6272 | 0.1311 | 5 |
| Brust | 0.0038 | 0.0019 | 2.0416 | 0.4898 | |
| Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0120 | 0.0052 | 2.3025 | 0.4343 | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0007 | 0.0051 | 0.1440 | 6.9448 | 15 |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef | 20 |
| Herz | 0.0042 | 0.0137 | 0.3084 | 3.2426 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 30 |
| Pankreas | 0.0066 | 0.0276 | 0.2393 | 4.1785 | |
| Penis | 0.0000 | 0.0267 | 0.0000 | undef | |
| Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 35 |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 40 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | | 45 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | 50 |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0139 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 40 |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | 45 |
| Lunge | 0.0036 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0062 | 50 |
| Placenta | 0.0121 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | 55 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 60 |
| Foetal | 0.0017 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | 65 |
| Haut-Muskel | 0.0130 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | 65 |
| Nerven | 0.0020 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | 65 |
| Uterus_n | 0.0083 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0624 | 0.0204 | 3.0509 | 0.3278 |
| | Brust | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0368 | 0.0165 | 2.2244 | 0.4496 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0026 | 4.6050 | 0.2172 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0556 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0041 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0190 | 0.0065 | 2.9412 | 0.3400 |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0290 | 0.0230 | 1.2605 | 0.7933 |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0110 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.1258 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0479 | 0.0319 | 1.5013 | 0.6661 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0338 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.1067 | 0.0272 | 3.9279 | 0.2546 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0509 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0476 | | | |
| | Samenblase | 0.0267 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointental | 0.0167 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0118 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0499 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0204 |
| | Eierstock_n | 0.1595 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0082 |
| | Gastrointestinal | 0.0610 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0032 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0060 |
| | Prostata | 0.0342 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0541 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0235 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| FOETUS | | | | |
|-------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0072 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0000 | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0000 | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| Foetal | 0.0000 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | 60 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust 0.0026 | 0.0038 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0026 | 1.1513 | 0.8686 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0068 | 0.0150 | 0.4528 | 2.2083 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn 0.0007 | 0.0051 | 0.1440 | 6.9448 |
| | Haematopoetisch 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz 0.0064 | 0.0137 | 0.4626 | 2.1618 |
| | Hoden 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas 0.0000 | 0.0110 | 0.0000 | undef |
| | Penis 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata 0.0044 | 0.0064 | 0.6824 | 1.4654 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium 0.0152 | 0.0068 | 2.2445 | 0.4455 |
| | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0089 | | | |
| | Samenblase 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0026 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |

| | FOETUS |
|----|--------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| 45 | Niere 0.0000 |
| | Placenta 0.0061 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.1595 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0006 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0114 |
| 60 | Haut-Muskel 0.0065 |
| | Hoden 0.0154 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0020 |
| | Prostata 0.0068 |
| | Sinnesorgane 0.0077 |
| 65 | Uterus_n 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

| NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | | |
|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0819 | 0.0383 | 2.1356 | 0.4682 | 5 |
| Brust | 0.0473 | 0.0320 | 1.4811 | 0.6752 | |
| Duenn darm | 0.0460 | 0.0331 | 1.3903 | 0.7193 | |
| Eierstock | 0.0539 | 0.0442 | 1.2190 | 0.8204 | |
| Endokrines Gewebe | 0.0494 | 0.0652 | 0.7576 | 1.3199 | |
| Gastrointestinal | 0.0805 | 0.0139 | 5.7984 | 0.1725 | 10 |
| Gehirn | 0.0451 | 0.0390 | 1.1557 | 0.8653 | |
| Haematopoetisch | 0.0374 | 0.0379 | 0.9881 | 1.0121 | |
| Haut | 0.0367 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0190 | 0.0323 | 0.5882 | 1.7000 | |
| Herz | 0.0382 | 0.0825 | 0.4626 | 2.1618 | 15 |
| Hoden | 0.0173 | 0.0117 | 1.4759 | 0.6775 | |
| Lunge | 0.0384 | 0.0184 | 2.0886 | 0.4788 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0580 | 0.0537 | 1.0805 | 0.9255 | |
| Muskel-Skelett | 0.0514 | 0.0240 | 2.1416 | 0.4669 | |
| Niere | 0.0489 | 0.0479 | 1.0196 | 0.9808 | 20 |
| Pankreas | 0.0330 | 0.0663 | 0.4986 | 2.0057 | |
| Penis | 0.0359 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0610 | 0.0617 | 0.9883 | 1.0118 | |
| Uterus_Endometrium | 0.2838 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0509 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.2206 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0773 | | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0353 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0737 | | | | |
| Zervix | 0.0319 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0278 | | | | 40 |
| Gastrointestenstinal | 0.0361 | | | | |
| Gehirn | 0.0125 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0157 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | 0.0260 | | | | 45 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0818 | | | | |
| Lunge | 0.0325 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0432 | | | | |
| Placenta | 0.0303 | | | | 50 |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0126 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 55 |
| Brust | 0.0340 | | | | 60 |
| Eierstock_n | 0.1595 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0101 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | | | |
| Foetal | 0.0233 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0488 | | | | 65 |
| Haematopoetisch | 0.0285 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0227 | | | | |
| Hoden | 0.0154 | | | | |
| Lunge | 0.0164 | | | | |
| Nerven | 0.0261 | | | | 65 |
| Prostata | 0.1163 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0929 | | | | |
| Uterus_n | 0.0416 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0038 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0052 | 0.0041 | 1.2599 | 0.7937 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0254 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0070 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0273 | | 0.0051 | | 5.3391 | 0.1873 | 5 |
| Brust | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0031 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0030 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | 0.0025 | | 0.0000 | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0038 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0059 | | 0.0041 | | 1.4399 | 0.6945 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0048 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Herz | 0.0032 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | | 0.0117 | | 0.0000 | undef | |
| Lunge | 0.0052 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | | 0.0077 | | 0.0000 | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0017 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Penis | 0.0150 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0109 | | 0.0085 | | 1.2795 | 0.7815 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | | | |

| FOETUS | | |
|-------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | |
| Lunge | 0.0036 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | |
|-------------------------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Brust | 0.0136 | 50 |
| Eierstock_n | 0.1595 | |
| Eierstock_t | 0.0051 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0245 | |
| Foetal | 0.0035 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0032 | |
| Hoden | 0.0077 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0030 | 60 |
| Prostata | 0.0068 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0167 | |
| | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

126

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0390 | 0.0051 | 7.6272 | 0.1311 | 5 |
| Brust | 0.0064 | 0.0056 | 1.1342 | 0.8817 | |
| Duenndarm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0050 | 0.3396 | 2.9444 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0007 | 0.0021 | 0.3600 | 2.7779 | |
| Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0077 | 2.5211 | 0.3967 | |
| Muskel-Skelett | 0.0154 | 0.0060 | 2.5700 | 0.3891 | |
| Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef | |
| Penis | 0.0210 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0272 | 0.5611 | 1.7821 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 35 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 40 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 45 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 50 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 55 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 60 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 65 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0026 | 7.6272 | 0.1311 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0050 | 0.3396 | 2.9444 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0021 | 1.0799 | 0.9260 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0379 | 0.0000 | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| 20 | Niere | 0.0109 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0043 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0260 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0507 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0162 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0040 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0390 | 0.0051 | 7.6272 | 0.1311 | 5 |
| Brust | 0.0153 | 0.0150 | 1.0208 | 0.9796 | |
| Duennndarm | 0.0245 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0210 | 0.0078 | 2.6863 | 0.3723 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0170 | 0.0125 | 1.3585 | 0.7361 | |
| Gastrointestinal | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0126 | 0.0133 | 0.9415 | 1.0622 | |
| Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0127 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0115 | 0.0117 | 0.9839 | 1.0163 | |
| Lunge | 0.0114 | 0.0143 | 0.7983 | 1.2526 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0307 | 0.3151 | 3.1733 | |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0060 | 0.5711 | 1.7510 | |
| Niere | 0.0326 | 0.0274 | 1.1896 | 0.8406 | 20 |
| Pankreas | 0.0033 | 0.0166 | 0.1994 | 5.0142 | |
| Penis | 0.0629 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0109 | 0.0170 | 0.6398 | 1.5631 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0068 | 4.4891 | 0.2228 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0256 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0208 | | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0191 | | | | |
| Zervix | 0.0106 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0111 | |
| Gehirn | 0.0063 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | |
| Lunge | 0.0072 | |
| Nebenniere | 0.0254 | |
| Niere | 0.0062 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0126 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0051 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0076 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0057 | |
| Haut-Muskel | 0.0162 | |
| Hoden | 0.0077 | |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0120 | 60 |
| Prostata | 0.0205 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0749 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0056 | 0.9074 | 1.1021 |
| | Duennndarm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0104 | 0.5756 | 1.7372 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0075 | 1.1321 | 0.8833 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0059 | 0.0154 | 0.3840 | 2.6043 |
| | Haematopoetisch | 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0129 | 0.7353 | 1.3600 |
| 15 | Herz | 0.0201 | 0.0137 | 1.4649 | 0.6827 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0145 | 0.0164 | 0.8891 | 1.1248 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0230 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0300 | 0.0571 | 17.5100 |
| 20 | Niere | 0.0217 | 0.0068 | 3.1722 | 0.3152 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0210 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0021 | 3.0709 | 0.3256 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0457 | 0.0204 | 2.2445 | 0.4455 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0470 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0121 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0139 |
| | Gastrointestinal | 0.0056 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0157 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0213 |
| | Lunge | 0.0217 |
| | Nebenniere | 0.0254 |
| 45 | Niere | 0.0185 |
| | Placenta | 0.0121 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0101 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0210 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0057 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0259 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0020 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0387 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0090 | 0.0019 | 4.7637 | 0.2099 | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0240 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 | 1.4722 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0046 | 0.0000 | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0037 | 0.0010 | 3.5998 | 0.2778 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0234 | 0.2460 | 4.0652 | 15 |
| Lunge | 0.0010 | 0.0061 | 0.1693 | 5.9051 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0110 | 0.1496 | 6.6857 | 20 |
| Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0064 | 0.6824 | 1.4654 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0136 | 1.6834 | 0.5940 | |
| Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | | |
| Samenblase | 0.0267 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0139 | 35 |
| Gastrointental | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | |
| Lunge | 0.0036 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0010 | |
| Prostata | 0.0205 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0042 | 65 |

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz.

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgeführt sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

| Sequenz ID No.: | Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe % | Identisch mit /Homolog zu | Länge des Ausgangs-EST in Basen | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Chromosomale Lokalisation |
|-----------------|---|---|---------------------------------|---|---------------------------|
| 1 | 99.65 | H.sapiens rap1b | 193 | 1722 | |
| 2 | 100 | Human zinc finger transcription factor hEZF (EZF) Homolog | 235 | 1187 | |
| 3 | 99.42 | Homo sapiens mRNA for phosphatidic acid phosphatase 2a | 221 | 1478 | |
| 4 | 99.98 | H.sapiens mRNA for G protein-coupled receptor Edg-2 | 211 | 411 | |
| 5 | 97.54 | H.sapiens mRNA for aminopeptidase | 167 | 1775 | |
| 6 | 99.93 | Homo sapiens secreted apoptosis related protein | 252 | 3181 | |
| 7 | 99.85 | Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ) | 209 | 1964 | |
| 8 | 99.61 | Homo Sapiens angiotensin II receptor | 233 | 1702 | |
| 9 | 99.2 | Human mRNA for RNA helicase (HRH1) | 230 | 2067 | |
| 10 | 96.57 | Human Hep27 protein Homolog | 219 | 1302 | |
| 11 | 96.09 | H.sapiens mRNA for putative progesterone binding protein | 211 | 1254 | |
| 12 | 98.99 | H.sapiens rhoB | 236 | 2548 | |
| 13 | 99.77 | Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1 | 210 | 1673 | |
| 14 | 99.85 | Human LIM domain protein CLP-36 | 247 | 1593 | |
| 15 | 99.98 | Human TRPM-2 | 124 | 572 | |
| 16 | 99.74 | Human calmodulin-1 (CALM1) | 210 | 2520 | |
| 17 | 99.2 | H.sapiens dermatopontin mRNA | 216 | 1722 | |
| 18 | 96.56 | Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP) | 226 | 1648 | |
| 19 | 96.3 | Human mRNA for alpha-actinin | 206 | 1102 | |
| 20 | 95.44 | Human nucleic acid binding protein | 94 | 1610 | |
| 21 | 99.03 | H.sapiens mRNA for GAS-3 | 304 | 1108 | |
| 22 | 97.54 | Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) | 275 | 675 | |
| 23 | 99.99 | H.sapiens mRNA for telokin Homolog | 350 | 350 | |
| 24 | 99.06 | Rat growth and transformation-dependent mRNA | 152 | 746 | |
| 25 | 99.61 | unbekannt | 217 | 217 | |
| 26 | 100 | S.pombe chromosome I cosmid c18G6 | 248 | 392 | |
| 27 | 99.94 | unbekannt | 239 | 1796 | |
| 28 | 100 | O.mykiss mRNA for myosin heavy chain | 246 | 575 | |
| 29 | 98.21 | unbekannt | 245 | 2927 | |
| 30 | 99.85 | unbekannt | 233 | 743 | |
| 31 | 99.61 | unbekannt | 253 | 1667 | |
| 32 | 98.22 | unbekannt | 249 | 249 | |
| 33 | 99.03 | Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67 | 249 | 1246 | |
| 34 | 97.54 | Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 | 215 | 215 | |

| Sequenz ID No.: | Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe % | Identisch mit /Homolog zu | Länge des Ausgangs-EST in Basen | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Chromosomale Lokalisation |
|-----------------|---|--|---------------------------------|---|---------------------------|
| 35 | 97.54 | Caenorhabditis elegans cosmid F09E5 | 221 | 734 | |
| 36 | 99.03 | Rattus norvegicus jun dimerization protein 2 (jdp-2) | 140 | 314 | |
| 37 | 97.54 | G.gallus mRNA for RING zinc finger | 196 | 1839 | |
| 38 | 96.57 | Rattus norvegicus cytoplasmic dynein intermediate chain 2c | 188 | 1931 | |
| 39 | 99.03 | C.sativus mRNA for lipoxygenase | 186 | 294 | |
| 40 | 97.54 | P.falciptarum complete gene map of plastid-like DNA (IR-B) | 227 | 882 | |
| 41 | 98.22 | unbekannt | 179 | 179 | |
| 42 | 97.54 | unbekannt | 238 | 238 | |
| 43 | 97.54 | Xenopus laevis RNA binding protein Etr-3 (etr-3) | 307 | 934 | |
| 44 | 99.03 | unbekannt | 220 | 231 | |
| 45 | 99.99 | unbekannt | 217 | 669 | |
| 46 | 97.54 | unbekannt | 208 | 240 | |
| 47 | 99.85 | unbekannt | 228 | 228 | |
| 48 | 99.85 | unbekannt | 229 | 1229 | |
| 49 | 97.54 | Drosophila melanogaster Dfz2 | 281 | 750 | |
| 50 | 97.54 | unbekannt | 223 | 231 | |
| 51 | 97.54 | Human (c-myb) Homolog | 221 | 1340 | |
| 52 | 99.94 | Ovis aries putative G-protein linked receptor (edg-2) | 211 | 226 | |
| 53 | 99.03 | unbekannt | 234 | 611 | |
| 54 | 99.03 | Mus musculus Hsp70-related NST-1 (hsr.1) | 204 | 689 | |
| 55 | 99.61 | Homo sapiens mRNA for Cdc42-interacting protein 4 (CIP4) Homolog | 270 | 560 | |
| 56 | 97.54 | unbekannt | 149 | 851 | |
| 57 | 97.54 | Caenorhabditis elegans cosmid D2021 | 225 | 1354 | |
| 58 | 98.22 | unbekannt | 218 | 268 | |
| 59 | 99.85 | Caenorhabditis elegans cosmid K07A12 | 217 | 752 | |
| 60 | 97.54 | unbekannt | 219 | 1389 | |
| 61 | 97.54 | Caenorhabditis elegans cosmid T09A5 | 94 | 726 | |
| 62 | 97.54 | unbekannt | 205 | 681 | |
| 63 | 99.06 | Saccharomyces cerevisiae chromosome VIII cosmid 9780 | 244 | 1116 | |
| 64 | 97.54 | unbekannt | 226 | 226 | |
| 65 | 99.03 | Homo sapiens excision and cross link repair protein (ERCC4), Homolog | 216 | 806 | |
| 66 | 98.22 | unbekannt | 241 | 241 | |
| 67 | 99.99 | unbekannt | 226 | 226 | |

| Sequenz ID No.: | Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe % | Identisch mit /Homolog zu | Länge des Ausgangs-EST in Basen | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Chromosomale Lokalisation |
|-----------------|---|--|---------------------------------|---|-------------------------------------|
| 68 | 99.03 | Chickens pro-alpha-2(I) collagen gene, g+c rich intron | 139 | 151 | |
| 69 | 100 | unbekannt | 226 | 2042 | |
| 70 | 99.61 | unbekannt | 147 | 147 | |
| 71 | 99.61 | unbekannt | 143 | 143 | |
| 72 | 99.97 | unbekannt | 219 | 2980 | |
| 73 | 97.54 | unbekannt | 227 | 227 | |
| 74 | 99.03 | unbekannt | 246 | 246 | |
| 75 | 97.54 | Rat mRNA for V-1 protein | 222 | 773 | |
| 76 | 100 | unbekannt | 293 | 293 | |
| 77 | 99.06 | Caenorhabditis elegans cosmid F13G3 | 215 | 870 | |
| 78 | 97.54 | A. vinelandii nitrogen fixation genes U, S, and V | 237 | 237 | |
| 79 | 99.98 | unbekannt | 439 | 439 | |
| 80 | 99.97 | Human BAC clone GS306C12 from 7q21-q22 | 219 | 2483 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 81 | 97.54 | unbekannt | 200 | 202 | |
| 82 | 99.99 | unbekannt | 220 | 353 | |
| 83 | 99.2 | unbekannt | 223 | 1039 | |
| 84 | 99.03 | unbekannt | 214 | 270 | |
| 85 | 97.54 | unbekannt | 330 | 330 | |
| 86 | 96.57 | Mouse epithelial zinc-finger protein EZF (Zie) | 235 | 235 | |
| 87 | 97.54 | unbekannt | 189 | 189 | |
| 88 | 97.54 | Human unknown protein mRNA within the p53 intron 1 Homolog | 168 | 866 | |
| 89 | 97.54 | unbekannt | 224 | 224 | |
| 90 | 99.94 | Homo sapiens chromosome 16 BAC clone CIT987SK-815A9 | 231 | 846 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 91 | 97.54 | Human Chromosome 11 Cosmid cSRL16b6 | 221 | 223 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 92 | 98.21 | Mouse mRNA for MyD118, a myeloid differentiation primary response gene | 204 | 1374 | |
| 93 | 99.61 | Homo sapiens chromosome +16p11.2 BAC clone CIT987SK-A-575C2 | 224 | 761 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 94 | 96.09 | unbekannt | 225 | 1825 | |
| 95 | 99.85 | Homo sapiens (clone exon trap b207) chromosome 16p13.3 | 240 | 1374 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 96 | 99.03 | Caenorhabditis elegans cosmid T15B7 | 194 | 2615 | |

| Sequenz ID No.: | Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe % | Identisch mit /Homolog zu | Länge des Ausgangs-EST in Basen | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Chromosomale Lokalisation |
|-----------------|---|---|---------------------------------|---|-------------------------------------|
| 97 | 99.03 | Canis familiaris Sec61-complex gamma-subunit | 233 | 508 | |
| 98 | 97.54 | Human DNA sequence from PAC 187N21 on chromosome 6p21.2-6p21.33 | 197 | 3588 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 99 | 99.65 | Xenopus laevis mRNA for 146 kDa nuclear protein | 197 | 1218 | |
| 100 | 97.54 | unbekannt | 125 | 1303 | |
| 101 | 98.22 | Caenorhabditis elegans FER-1 (fer-1) | 211 | 2333 | |
| 102 | 97.54 | unbekannt | 211 | 1377 | |
| 103 | 97.54 | unbekannt | 223 | 315 | |
| 104 | 98.21 | unbekannt | 219 | 2355 | |
| 105 | 97.54 | unbekannt | 245 | 1339 | |
| 106 | 96.87 | Genomic sequence from Human 13 | 204 | 3751 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 107 | 97.54 | unbekannt | 220 | 300 | |
| 108 | 99.03 | unbekannt | 210 | 1465 | |
| 109 | 97.68 | Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid F25965 | 216 | 1488 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 110 | 97.54 | unbekannt | 231 | 783 | |
| 111 | 99.65 | unbekannt | 212 | 1045 | |
| 112 | 97.54 | unbekannt | 225 | 1386 | |
| 113 | 99.65 | unbekannt | 151 | 1747 | |
| 114 | 97.54 | Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene | 252 | 1526 | |
| 115 | 96.09 | unbekannt | 210 | 1205 | |
| 116 | 98.94 | unbekannt | 209 | 3968 | |
| 117 | 97.54 | Caenorhabditis elegans cosmid R08D7 | 220 | 798 | |
| 118 | 97.54 | unbekannt | 297 | 1068 | |
| 119 | 97.39 | unbekannt | 303 | 4584 | |
| 120 | 99.03 | Rattus norvegicus AKAP95 | 243 | 982 | |
| 121 | 96.57 | Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory protein of PP1 | 253 | 742 | |
| 122 | 98.35 | unbekannt | 310 | 2330 | |
| 123 | 99.74 | Bos taurus supervillin | 282 | 1860 | |
| 124 | 96.09 | B. taurus mRNA for bovine vacuolar ATPase subunit A | 301 | 807 | |
| 125 | 99.74 | unbekannt | 303 | 1932 | |
| 126 | 97.54 | Thermomonospora curvata protein kinase PkwaA (pkwA) | 281 | 3024 | |
| 127 | 97.54 | Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87 on chromosome X | 300 | 505 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |

DE 198 18 620 A 1

TABELLE II

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. | |
|-------------------------------|--|----|
| 24 | 128 | 5 |
| | 129 | |
| 3 | 130 | 10 |
| 25 | 131 | |
| | 132 | |
| | 133 | 15 |
| 26 | 134 | |
| | 135 | |
| | 136 | 20 |
| 27 | 137 | |
| | 138 | |
| | 139 | 25 |
| 28 | 140 | |
| | 141 | |
| | 142 | 30 |
| 29 | 143 | |
| 30 | 144 | |
| | 145 | 35 |
| | 146 | |
| | 147 | |
| | 148 | |
| 31 | 149 | 40 |
| | 150 | |
| | 151 | |
| | 152 | 45 |
| 32 | 153 | |
| | 154 | |
| | 155 | 50 |
| 33 | 156 | |
| | 157 | |
| 34 | 158 | 55 |
| | 159 | |
| | 160 | |
| 35 | 161 | 60 |
| | | 65 |

| | DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|----|-------------------------------|--|
| 5 | 35 | 162 |
| | | 163 |
| | 36 | 164 |
| 10 | | 165 |
| | | 166 |
| | 37 | 167 |
| 15 | 38 | 168 |
| | 39 | 169 |
| | | 170 |
| 20 | | 171 |
| | 40 | 172 |
| | | 173 |
| 25 | | 174 |
| | 41 | 175 |
| | | 176 |
| 30 | | 177 |
| | 42 | 178 |
| | | 179 |
| 35 | | 180 |
| | 43 | 181 |
| | 44 | 182 |
| 40 | | 183 |
| | | 184 |
| | 45 | 185 |
| | | 186 |
| 45 | | 187 |
| | 46 | 188 |
| | | 189 |
| 50 | | 190 |
| | 47 | 191 |
| | | 192 |
| 55 | | 193 |
| | 48 | 194 |
| | | 195 |
| 60 | | 196 |
| | 49 | 197 |

65

DE 198 18 620 A 1

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. | |
|-------------------------------|--|----|
| 49 | 198 | 5 |
| | 199 | |
| 50 | 200 | |
| | 201 | 10 |
| | 202 | |
| 51 | 203 | |
| | 204 | 15 |
| | 205 | |
| 52 | 206 | |
| | 207 | 20 |
| | 208 | |
| 53 | 209 | |
| 54 | 210 | 25 |
| 55 | 211 | |
| 56 | 212 | |
| | 213 | 30 |
| | 214 | |
| 57 | 215 | |
| 58 | 216 | 35 |
| | 217 | |
| | 218 | |
| 59 | 219 | 40 |
| 60 | 220 | |
| | 221 | |
| | 222 | |
| | 223 | 45 |
| 61 | 224 | |
| | 225 | |
| 62 | 226 | 50 |
| | 227 | |
| | 228 | |
| 63 | 229 | 55 |
| 64 | 230 | |
| | 231 | |
| | 232 | 60 |
| 65 | 233 | |

65

| | DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|----|-------------------------------|--|
| 5 | 66 | 234 |
| | | 235 |
| | | 236 |
| 10 | 67 | 237 |
| | | 238 |
| | | 239 |
| 15 | 68 | 240 |
| | | 241 |
| | | 242 |
| 20 | 69 | 243 |
| | | 244 |
| | 70 | 245 |
| 25 | | 246 |
| | | 247 |
| 30 | 71 | 248 |
| | | 249 |
| | | 250 |
| 35 | 72 | 251 |
| | | 252 |
| | | 253 |
| 40 | 73 | 254 |
| | | 255 |
| | | 256 |
| 45 | 74 | 257 |
| | | 258 |
| | | 259 |
| | 75 | 260 |
| 50 | 76 | 261 |
| | | 262 |
| | | 263 |
| 55 | 77 | 264 |
| | 78 | 265 |
| | | 266 |
| 60 | 79 | 267 |
| | 80 | 268 |
| | | 269 |

65

DE 198 18 620 A 1

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|-------------------------------|--|
| 80 | 270 |
| 81 | 271 |
| | 272 |
| | 273 |
| 82 | 274 |
| | 275 |
| | 276 |
| 83 | 277 |
| | 278 |
| | 279 |
| 84 | 280 |
| | 281 |
| | 282 |
| 85 | 283 |
| | 284 |
| | 285 |
| 86 | 286 |
| | 287 |
| | 288 |
| 87 | 289 |
| | 290 |
| | 291 |
| 88 | 292 |
| | 293 |
| | 294 |
| 89 | 295 |
| | 296 |
| | 297 |
| 90 | 298 |
| | 299 |
| | 300 |
| 91 | 301 |
| | 302 |
| | 303 |
| 92 | 304 |
| 93 | 305 |

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

| 5 | DNA-Sequenzen | Peptid-Sequenzen (ORF's) |
|----|---------------|--------------------------|
| | Seq. ID. No. | Seq. ID. No. |
| | | 306 |
| | 94 | 307 |
| | 95 | 308 |
| 10 | | 309 |
| | | 310 |
| | 96 | 311 |
| 15 | | 312 |
| | 97 | 313 |
| | | 314 |
| 20 | | 315 |
| | 98 | 316 |
| | | 317 |
| 25 | | 318 |
| | 99 | 319 |
| | 100 | 320 |
| 30 | | 321 |
| | 101 | 322 |
| | 102 | 323 |
| | | 324 |
| 35 | | 325 |
| | 103 | 326 |
| | | 327 |
| 40 | | 328 |
| | 104 | 329 |
| | | 330 |
| 45 | | 331 |
| | 105 | 332 |
| | | 333 |
| 50 | 106 | 334 |
| | | 335 |
| | | 336 |
| 55 | 107 | 337 |
| | | 338 |
| | | 339 |
| 60 | 108 | 340 |
| | | 341 |

65

DE 198 18 620 A 1

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. | |
|-------------------------------|--|----|
| 108 | 342 | 5 |
| 109 | 343 | |
| | 344 | |
| | 345 | 10 |
| 110 | 346 | |
| | 347 | |
| 111 | 348 | 15 |
| | 349 | |
| | 350 | |
| 112 | 351 | 20 |
| | 352 | |
| | 353 | |
| 113 | 354 | 25 |
| 114 | 355 | |
| | 356 | |
| | 357 | 30 |
| 115 | 358 | |
| | 359 | |
| | 360 | 35 |
| 116 | 361 | |
| | 362 | |
| | 363 | |
| | 364 | 40 |
| 117 | 365 | |
| | 366 | |
| | 367 | 45 |
| 118 | 368 | |
| | 369 | |
| | 370 | 50 |
| 119 | 371 | |
| | 372 | |
| 120 | 373 | 55 |
| | 374 | |
| 121 | 375 | |
| 122 | 376 | 60 |
| | 377 | |
| | | 65 |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|-------------------------------|--|
| 122 | 378 |
| 123 | 379 |
| | 380 |
| | 381 |
| 124 | 382 |
| | 383 |
| | 384 |
| 125 | 385 |
| | 386 |
| | 387 |
| 126 | 388 |
| 127 | 389 |
| | 390 |

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 128-390 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 390

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

cgttgaagta gatgcacaac agtgtatgct tgaatcttg gatactgcag gaacggagca 60
atttacagca atgagggatt tatacatgaa aaatggacaa ggatttgcac tagtttattc 120
catcacagca cagtccacat ttaacgattt acaagacctg agagaacaga ttcttcagagt 180
taaagacact gatgatgttc caatgattct tgttggtaat aagtgtgact tggagatga 240
aagagttgta ggaaggaac aaggtcaaaa tctagcaaga caatggaaca actgtgcatt 300
cttagaatct tctgcaaaat caaaaataaa tgtaaatgag atcttttatg acctagtgcg 360
gcaaattaac agaaaaactc cagtgcctgg gaaggctcgc aaaaagtcac catgtcagct 420
gctttaatat actaaatgca ttgtagctct gagccaggtc tgaagaactg ttgccaatt 480
caacagtgcc agcattccaa ctttggttaa cctaccaaca tcttaaattg actttcctgt 540
ggtggtaccc ttaagaggc ggatgaaagc tactatatca gtttgacac tctaatoact 600
ttccagtatc acaagagaga tttttactta tataatagtc cttagagttg cagctggtaa 660
aaccagaggc tacatccagt attactgcta agagacattc ttcacccacc aatgttgtac 720
atgtatgaaa atggtgtact gtatacttta acatgcccc tactttgtat tggagagta 780
aataatgtaa atcctaaaag caccactatt ttagcataat aaaagaaagt ccaaagagct 840
cctatataga ctactccaga taacttcgct tctttgatac ttgtagctta ttgtaatttt 900
ttttaagaaa ttcaagggtc ttattattgt acaaaaataa cgctttgatt aacacagcta 960
tatagttttt ttaattttta aaaaacctgt ggagacggtg atcttgtctt taaaacatga 1020
tagtcctttc agtataatgt cttagattaa agacgttgcc ttaatatct gttgggaagg 1080
aaatgtccag acttttcaaa tctcttatta tatgtttcct ttttttggtt acataggga 1140
caatgtttat agtcgtgtgt acagtggggg tctacaacaa gaagtgtata ttttcaaac 1200
attltttaat gatttaacaa tttttgtaaa tcattttcag gcttctgcag ctgtagattc 1260
tcactgtgaa tcccttgctt gctcatgcat aagtgtattt gcaataccaa atatacagg 1320
ttagtatttt tgccgtgttag tgattgtttc acatgtgtaa cgttttggtt gagatgttaa 1380
atggtggacg agtactgtgg atgtgaatgt gggaagtaat ttaatoata tgtaattgg 1440
cacaaggcct aatttgcatg aactattgct gttttattta acaatgcctt gttgctttgt 1500
atgcattaat gtttgatgt aaagattgtg tgtctatcca acaggagacc acagtattta 1560
aattgaccac cctaattgta caactacttt gaggtggcca aatgtaaact aaaagcctta 1620
attaaagtgg tgcaattttg tataacttag catcagtagt tcaataaatt tggattgcca 1680
tgcaagggct tgcattataa aaaaaacaa aaaaaaaaaa aa 1722

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

65

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

cggetcgagg aggcgggtctc ttctgtgcacc cacttggggcg ctggaccccc tctcagcaat 60
ggccaccggc cggctgcaca cgacttcccc ctggggcggc actccccagc aggactacco 120
cgaccctggg tcttgaggaa gtgctgagca gcagggactg tcaccctgcc ctgccgcttc 180
ctcccggtt ccatcccccac cgggggcca attaccatc ctctctgcc gatcagatgc 240
agccgcaagt cccgcgctc cattaccaag agctcatgcc acccggttcc tgcattgccag 300
aggagcccaa gccaaagagg ggaagacgat cgtggccccg gaaaaggacc gccaccaca 360
cttgtgatta cgcgggctgc ggcaaaacct acacaaagag ttcccatctc aaggcacacc 420
tgcgaacca cacaggtag aaaccttacc actgtgactg ggaaggctgt ggatggaaat 480
tcgcccgctc agatgaactg accaggcact accgtaaaca cacggggcac cgccggttc 540
agtgcacaaa atgcgaccga gcattttcca ggtcggacca cctgcctta cacatgaaga 600
ggcattttta aatcccagac agtggatatg accacactg ccagaagaga attcagtatt 660
ttttactttt cacactgtct tcccgatgag ggaaggagcc cagccagaaa gcactacaat 720
catggtcaag ttcccaactg agtcatcttg tgagtggata atcaggaaaa atgaggaatc 780
caaaagacaa aatcaaaga acagatgggg tctgtgactg gatcttctat cattccaatt 840
ctaatccga cttgaatatt cctggactta caaatgcc aaggggtgac tggagttgt 900
ggatatcagg gtataaatta tatccgtgag ttggggagg gaagaccaga attccottga 960
attgtgtatt gatgcaatat aagcataaaa gatcacctg tattctcttt accttctaaa1020
agccattatt atgatgttag aagaagagga agaaattcag gtacagaaaa ccatgtttaa1080
atagccta at gatggtgttt gtgagcttgg tcctaaagg cccaacaagg gagccaaagg1140
tttaaactgc tggatccttg gcaaggggaa atctgtgttt ttttccg 1187
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1478 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

gcgaacccgc gcgctgcccg gtcttgcgct gccagcggg aggggctgga cccgcgcttc 60 15
ctctccctg cgggtcccc tctttaaagc gagagtctgg acgccccgc tgtgggagag 120
agcgcggga tccggacggg gagcaaccg ggcaggccgt gccggtgag gaggtcctga 180
ggctacagag ctgcgcggc tggcacacga gcgcctcggc actaacggag tgttcgcggg 240
ggctgtgagg ggaggcccc gggcgccatt gctggcggtg ggagcgcgc cgggtctcag 300
ccgcgcctcg gctgctctcc tectcgggt gggagggggc gtagctcggg gccgtcgcca 360 20
gccccggccc gggctcgaga atcaagggcc tcggccggcg tccgcagct cagtccatcg 420
cccttgccgg gcagccggg cagagaccat gttgacaag acgcggtgc cgtacgtggc 480
cctcgatgtg ctctgcgtgt tcttggtgtg attgcctttt gcaattctta cttcaaggca 540
taccctcttc caacgaggag tattctgtaa tgatgagtc atcaagtacc cttacaaaga 600
agacaccata ccttatgcgt tattaggtgg aataatcatt ccatcagta ttatcgttat 660 25
tattcttggg gaaaccctgt ctgtttactg taaccttttg cactcaaatt cctttatcag 720
gaataactac atagccacta ttacaaagc cattggaacc tttttatttg gtgcagctgc 780
tagtcagtc ctgactgaca ttgccaagta ttcaataggc agactgcggc ctcacttctt 840
ggatgtttgt gatccagatt ggtcaaaaat caactgcagc gatggttaca ttgaatacta 900 30
catatgtcga gggaatgcag aaagagttaa ggaaggcagg ttgtccttct attcaggcca 960
ctcttcgttt tccatgtact gcatgctgtt tgtggcactt tatcttcaag ccaggatgaa1020
gggagactgg gcaagactct tacgccccac actgcaattt ggtcttggtg ccgtatccat1080
ttatgtgggc ctctctcgag ttcttgatta taaacaccac tggagcgatg tgttgactgg1140
actcattcag ggagctctgg ttgcaatatt agttgctgta tatgtatcgg atttcttcaa1200 35
agaaagaact tcttttaaag aaagaaaaga ggaggactct catacaactc tgcataaaac1260
accaacaact gggaatcact atccgagcaa tcaccagcct tgaaaggcag cagggtgcc1320
aggtgaagct ggctgtttt ctaaaggaaa atgattgcca caaggcaaga gggatgcac1380
tttcttcctg ggtgtacaag cctttttaa gaccttctgc tggctgcgat gcctcttgga1440
atgcacagtt gtgtgtaaca gatttacctt aactcgtg 1478 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 45

(A) LÄNGE: 411 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel 50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: 65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:4

```

gccacatttc cgggggttttg cggggcccg c gatgttttcc agagcttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caacgtgaaa atgccccgtg c cgggggcgtc caccggagtc ctgccagctg120
tccggcgctg ggggtggacgt ctgatttatg aagctcccca tccacctatc tgagtacctg180
acttctcagg actgacacct acagcatcag gtacacagct tctctagca tgacttcgat240
ctgatcagca aacaagaaaa tttgtctccc gtagttctgg ggcgtgttca ccacctacaa300
ccacagagct gtcatggctg ccactcttac ttccatccct gtaatttcac agccccagtt360
cacagccatg aatgaaccac agtgcttcta caacgagtc attgccttct t 411

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

aaaatcctat gatagtataa ctttgcataa gcctactgaa tgataggaaa gtttttagtt 60
tcttatcaaa gaaagagaat aaagtgtttt tttttttcag ttccacattg acatttttat 120
taacgccaac tgttttttaa ttattttttt aaaacaatag cacaaaaatg tttcaaggaa 180
gcagtctcac aatctgatga ctttctgaaa taccgttaag ccacaccaa tatgaatttc 240
tgtaataaac acaaaatatt tttttaagaa aaaaagaaaa aaaaaggtagg gaaagaagaa 300
gggaatgaga ttttagattta aaactcattg gattaaatag gtgaggctta ttagtaggat 360
atactgttga agcaaacagt ggcacacaca ggcttacagt ctttgttttt taaaccagtt 420
accactaatg tattaagccc tgcagcagtt accactgact tctcgcacgc ataaaaatgaa 480
ccgggagaag ccagtgttga tactgttgtg aagagggtca agagctggct tttcagacaa 540
ctaagaccat ttttagcaga ataactcctt cagaaaggcc tggctgaaga tcttttttat 600
tctattgtct cacctatata aatttcaggg ttottataag tcatctttaa aaagaaaaaa 660
ataatgtata tcagtttctc ttatttaatg tggtatgaa agatgtttcc ttattatttc 720
ttcatctcta agaaggacac cagggaaatg ggggtggggg tggactaaa gggaggaaaa 780
aaaccagaac agggtaggtt tttgtttttt gctttttgtt tttttttggc caaggggtcg 840
gtcacacaga agggaaggca aggaggaaaa cttaaactaca atccttggtt cagattgagt 900
tatgcaggaa tatatcttcc tgatcagttc ccgtgccaaa aaaaaaaaaa gccacttggg 960
attatgcact gactccaact atgtgatacc agctatcagc cttttgtgtt taaccattcc1020

```

DE 198 18 620 A 1

```

cagaaatgga caccaccctt ggctttatag gctccttgca gaacccattt cacaaaaatg1090
ctcttcacca agaagcctct agtttccttt tggtaggtta taauaacaga acatctgtca1140
ttaacagtag agtggttaaat acttttaacc actgacaagg cttcagaaag tttcacagt1200
tcgttatgct ctatttttatt actatcatat ttacattttt attttttatt tattttttgc1260
tgaattgctg attttccttt ttcaatagaa ttttaattctg gagtgtgagc aggaaccagt1320
taactacatt cattgtccaa ccccoactgg tttgaaagaa gactccaaat tcttggcata1380
tgaatcagct gttcggtagc tccaccttat cctgcagcg aagcagcaga accgccaatg1440
gcggcacctc aggattcaca ctgtgggtgg tgaggccttc cgctgaagga ggtactggtg1500
gatgctctca gcatctcgct ttagccaggc agcattcagc agaataattt cacaacactg1560
ctggatggta cgctcagctg aaggagctgg gtgactctcg aagaaagcct taacctctcc1620
agccatttta tcaactgcaa atccctcaac tgatagctgc aaaacaatgg ttttaaacag1680
taagtgaac caagaggctg agaacaaact tccatttacc ctaaaaataa ataatataa1740
tgtcgcaggc cccaatata atagtagtag gggga 1775

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3181 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```

ggggtggggt gggagcaggg ggggacagtg ccccggaac cgggtgggtc acacacagc 60
actgcgcctg tcagtagtg acattgtaac ccagtcggct tgttcttgca gcattccgc 120
tcccttccct ccatagccac gctccaaacc ccagggtagc catggccggg taaagcaagg 180
gccatttaga ttaggaagg ttttaagatc cgcaatgtgg agcagcagcc actgcacagg 240
aggaggtgac aaaccatttc caacagcaac acagccacta aaacacaaaa agggggattg 300
ggcggaaagt gagagccagc agcaaaaact acattttgca acttggttgt gtggatctat 360
tggtgatct atgcctttca actagaaaat tctaatgatt ggcaagtcac gttgttttca 420
ggtccagagt agtttctttc tgtctgcttt aatggaaac agactcatal cacacttaca 480
attaaggcca agcccagaaa gtgataagt caggaggaa aagtgcagg ccattatgta 540
atagtgcagc caaagggacc aggggagagg cattgccttc tctgccaca gtctttccgt 600
gtgattgtct ttgaatctga atcagccagt ctcagatgcc ccaaagtttc gggtccatg 660
agcccggggc atgatctgat cccaagaca tgtggagggg cagcctgtgc ctgcctttgt 720
gtcagaaaaa ggaaaccaca gtgagcctga gagagacggc gatthtcggg ctgagaaggc 780
agtagttttc aaacacata gttaaaaaag aaacaaatga aaaaaattt agaacagtcc 840
agcaaatgct tagtcagggt gaattgtgaa attgggtgaa gagcttagga ttctaattc 900
atgttttttc cttttcacat ttttaaaaga acaatgacaa acacccactt atttttcaag 960
gttttaaaac agtotacatt gagcatttga aaggcgtgct agaacaagg ctctgatcc 1020
gtccgaggct gcttccaga ggagcagctc tcccaggca tttgccagg gaggcgatt 1080
tccctggtag tgtagctgtg tggttttct tectgaagag tccgtggtt ccctagaacc 1140

```

DE 198 18 620 A 1

```

taacaccccc tagcaaaact cacagagctt tccgtttttt tctttcctgt aaagaaacat1200
ttcctttgaa cttgattgcc tatggatcaa agazzttcag aacagcctgc ctgtcccccc1260
gcacttttta catatatttg tttcatttct gcagatggaa agttgacatg ggtggggtgt1320
5 ccccatccag cgagagaggt tcaaaagcaa aacatctctg cagtttttcc caagtacctt1380
gagatacttc ccaaagccct tatgtttaat cagcgatgta tataagccag ttcacttaga1440
caactttacc cttcttgtcc aatgtacagg aagtagttct aaaaaaaatg catattaatt1500
tcttccccc aagccggatt ctttaattctc tgcaacactt tgaggacatt tatgattgtc1560
cctctggggc aatgcttata cccagtggag atgctgcagt gaggctgtaa agtggcccc1620
10 tgcggcccta gctgaccgg gaggaagga tggtagattc tgtaactct tgaagactcc1680
agtatgaaaa tcagcatgcc cgcctagtta cctaccggag agttatcctg ataaattaac1740
ctctcacagt tagtgatcct gtccttttaa cacctttttt gtggggttct ctctgacctt1800
tcacgtgaaa gtgctgggga ccttaagtga tttgcctgta attttgatg attaaaaaat1860
gtgtatatat attagctaatt tagaaatatt ctacttctct gttgtcaaac tgaaattcag1920
15 agcaagttcc tgagtgcgtg gatctgggtc ttagttctgg ttgattcact caagagttca1980
gtgctcatac gtatctgtct attttgacaa agtgcctcat gcaaccgggc cctctctctg2040
cggcagagtc cttagtggag gggtttacct ggaacattag tagttaccac agaatacgg2100
agagcaggtg actgtgctgt gcagctctct aaatgggaat tctcaggtag gaagcaacag2160
cttcagaaa agctcaaaat aaattggaaa tgtgaatcgc agctgtgggt tttaccaccg2220
20 tctgtctcag agtcccagga ccttgagtgt cattagttac tttattgaag gtttttagacc2280
catagcagct ttgtctctgt cacatcagca atttcagaac caaaaggagg gctctctgta2340
ggcacagagc tgcactatca cgagcctttg tttttctcca caaagtatct aacaaaacca2400
atgtgcagac tgattggcct ggtcattggg ctccgagaga ggaggtttgc ctgtgatttc2460
ctaattatcg ctagggccaa ggtgggattt gtaaagcttt acaataatca ttctggatag2520
25 agtcctggga ggtccttggc agaactcagt taaatctttg aagaatattt gtagttatct2580
tagaagatag catgggaggt gaggattcca aaaacatttt atttttaaaa tatcctgtgt2640
aacacttggc tcttggtacc tgtgggttag catcaagttc tccccagggt agaattcaat2700
cagagctcca gtttgcatth ggatgtgtaa attacagtaa tccattttcc caaacctaaa2760
atctgttttt ctcatcagac tctgagtaac tgggtgctgt gtcataactt catagatgca2820
30 ggaggctcag gtgatctgtt tgaggagagc accctaggca gcctgcaggg aataacatac2880
tggcogttct gacctgttgc cagcagatc acaggacatg gatgaaattc ccgtttcctc2940
tagtttcttc ctgtagtact cctcttttag atcctaagtc tcttacaata gctttgaata3000
ctgtgaaaat gttttacatt ccatttcatt tgtgttgttt ttttaactgc attttaccag3060
atgttttgat gttatcgctt atgttaatag taattcccg acgtgttcat tttattttca3120
35 tgctttttca gccatgtatc aatattcact tgactaaaat cactcaatta atcaataaaa3180
a

```

3181

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1964 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7

| | | | | | | | |
|------------|------------|-------------|------------|-------------|------------|------|----|
| gcaacatgtc | tgccaccaac | attggcattc | ctcacacgca | gagattgcaa | gggcaaatgc | 60 | |
| cagtgaaggg | gcacatttcc | atccgctcca | agtctgcgcc | actgccctct | gcggtctctc | 120 | 5 |
| accagcagca | gctgtatggc | cgtagcccat | cggcagttgc | catgcaggct | ggccctcgcg | 180 | |
| cactggctgt | tcagcgtggc | atgaacatgg | gggttaatct | gatgcctact | cccgcctata | 240 | |
| atgtcaattc | catgaatatg | aacaccttga | atgccatgaa | cagctatcga | atgacacagc | 300 | |
| ccatgatgaa | cagcagttac | catagtaacc | ctgcctacat | gaaccagaca | gcacagtatc | 360 | 10 |
| ctatgcagat | gcagatggga | atgatgggga | gccaggccta | taccagcagc | cctatgcagc | 420 | |
| ctaaccctca | tgggaacatg | atgtacacag | gcccctccca | tcacagctac | atgaacgctg | 480 | |
| ctggcgtgcc | caagcagtc | ctcaacggac | cttacatgag | aagatgagca | agatgaactt | 540 | |
| gcaatcaaaa | acttaaatat | atataaataa | aggaaccttt | tatactgaca | aaccagagaa | 600 | |
| aaatggacct | ttttccagtt | aaaatattgc | tgtagattta | gaggaatttt | tctttggttt | 660 | 15 |
| attttatttt | ttagaaaacc | tgatcttctc | tttttttggg | ttcattttgt | tctgggtttt | 720 | |
| ggttttcttc | acaatcttga | acatttttaca | gtagaactca | tctaaaaatg | gatttgggga | 780 | |
| tgggaaaca | tgcacaaaat | cttttcataa | ttaaaaagag | ccttactttc | tttacatacc | 840 | |
| acatggacag | aatttgtgta | aaagtgaatt | atctttattt | taaaatgtat | gtttcccttc | 900 | |
| actgtttgca | gctcccaatg | ttgtcatttt | taaatgttat | atacatctca | agggttaacc | 960 | 20 |
| agaccctttc | ctccaaaccg | aacctttcat | ttcctacttc | attccagcag | gaggcactta | 1020 | |
| ggggagactc | ggatggggac | atggagaaca | acccaagctc | cttaaaactat | taaagtggg | 1080 | |
| caggaaaatg | cttctccttt | taaaatcccc | tccactcctc | acacacacac | acctcttga | 1140 | |
| acccttcccc | aagaatgttt | ctttatagac | ggacttcatt | gaaatctttg | ttgttcttga | 1200 | |
| atcaagtgt | atataatttt | tttcttcttt | tttaaaatat | tcccactcag | cactcagaga | 1260 | 25 |
| cacaaaaata | ctgtaagtct | caattaacag | cagaatctca | gagaaaagct | gtttgcaatc | 1320 | |
| caaatccagc | ctttggagga | atagagatgg | tcaattaaca | atcaaaaaga | ggagattaac | 1380 | |
| ctcttgtttt | tttaccacct | ggtgaatcag | ccataacgca | cacacacgcc | accagcctc | 1440 | |
| ttgtttctag | tatgtacttt | gaaatgctaa | ctgagggtct | tgatgcttga | gcctttgact | 1500 | |
| gataaaactc | aaatagcagt | ccccagtgat | ttgcctctta | ggttctttct | taaattgttg | 1560 | 30 |
| gtggatgact | gtacatttta | gtgatttgaa | aaataactga | caaaccattg | aaacagttta | 1620 | |
| ttttatgttg | gaagagatgg | cgcagatgtg | tgtcagaagg | gagatcacgg | tgtgagtttc | 1680 | |
| gtagctattt | aagtataca | tacctctagt | ttttgtatgt | cttttgagat | cctgagttca | 1740 | |
| tccctgtgta | atcagagtgc | acaagcacct | ctcctgtgag | tggctaata | gaagagggac | 1800 | |
| agaccgacca | ccagcacagt | agggcagatc | tggacagcag | aatgttataa | cgcaagttoa | 1860 | 35 |
| tgtgttgctc | ccaactccat | tctcttttct | ctcgtgcaac | cagtttgccc | attctcttcc | 1920 | |
| tattacttgc | tccagggata | ggtaaaaaaa | aaaaaaaaaa | aaaa | | 1964 | |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1702 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

5

10

15

20

25

30

35

```

ggacacccca ggtatgtgga cgagcagttc ctgtcacgcc tcttcctatt tgtggccctg 60
gtgatcatgt tctggctcct gattgcctaa tgctgggctc ctgcgtacat ccgtggcagg 120
gctctggact ggtgacgtgc caccccaact cctgggtgtt ggcttcctgg ctaatcttga 180
ctcctggaat cagtgggagc agtaaacat caaggagtct tgtttcttca tcagagcttt 240
ggaactcgag accagttggc gatgacccct gaatatcgcc accgctgtaa acactctata 300
acttcaggcc ttggcattga gtcattcttc atgggtgaca ccatgaaatc ttgtttcagc 360
cagttctgca ggtcctgact ctgcagaggg aagaggcaga aagagagaaa ctgtcagagt 420
ataatttcac ctgagtttaa tattacagaa acaaagggat gcaccaaag gtatttctgg 480
aaattttcat gtcttttaaa accccttggg aagtgtcttc tgaagccagt gggggctcct 540
cagatagaga ggttccccct tcaaatccca gtgccgtctt gttctctttc cttccccctc 600
cactccccct cttcttcttc tgtagagatg caagaaattg ctgtccata aaaatcataa 660
ttgcagtagc taaagctggg gtcacttcgt gaattcacca gagactcaaa gatcttttat 720
tggtctctgg ctgtgctcag tgtctttggc ctgagagaac aacttgaatg acttcttggt 780
ttcctggcat aaattattcc tggtagagac tgtggcttaa ctcacagggt tcccatcagc 840
tttctcccta aaactatgtt catctgcctc tctctgccag agaacataca gccgagaata 900
ctgccgaagc tgagactgac tactgtgcat taggaaagac ctggagtcag gacttttggtg 960
ggattttggag ctccgaggca gtaataactg aacaagcagc cctgtcccct aggcctgcaga1020
agcttgaatg catcctctcc cagaacctgc cacaggaaac tgggggcttt gtcaggtcag1080
cccaactgca tgcaaaagac caccatcttc agaagccaag ttgtctttta tgaagaggca1140
aggaaagggg aaaccacat gtgaccctga ttttggtatg gcttgataga gttccctgaa1200
aactccttgt atgtgtgcta aaaccaggga agcatgtgac tgccaagcag gcaaccctcg1260
atgatttgta aagccagggt gcagggcctt ggggagcccc agcacaatga tattgtgtgg1320
tcttccctcc tgtggaatcg aggggaaatt attcttccca ataccttgat ttgattttca1380
gtttcataag cttcttcttc tgaatcttat tgagggacta tggtagcaag caggtaggac1440
tggtcacctg gtggaacagt tcttgcctcg cttctaggc ttcattccag aaatccagcc1500
tctttctgga gaccccaaag ctggaggag atgggctttc ctctgggcct ctcttctac1560
tttgccatcc aactgctcc tggctaacct cagcaagaac caacaaatgg gtagggaagc1620
cccatctaag tggctttttt tcttcaatta tggacgtgca ttgttttggt tgggaacaaa1680
aggttttgga ggggagatgt gg                                     1702

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2067 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

| | | | | | | | |
|------------|-------------|------------|-------------|-------------|----------------|-----|----|
| gccgcaggct | cccgggtgttc | ccatttcgag | aggagctcct | ggctgctatt | gcaaatcacc | 60 | |
| aagtcctcat | cattgaaggc | gagacagggt | caggaagac | caccagatc | ccgcagtatc | 120 | 5 |
| tctttgagga | gggttatata | aacaagggt | tgaagattgc | ctgcacccaa | ccccggagag | 180 | |
| tggctgccat | gagtggtgcc | gcccaggtgg | cccgggagat | gggtgtgaag | cttgggaatg | 240 | |
| aggttggtta | cagcatccgc | tttgaggact | gcacatcaga | gcgaactgtc | ctccgctaca | 300 | |
| tgacagatgg | gatgcttctc | cgggagtctc | tctctgagcc | tgacctggcg | agttacagcg | 360 | 10 |
| tggatgatgg | ggatgaggca | cacgaaagga | ccctacacac | agacattctc | tttggattga | 420 | |
| tcaaggatgt | tgctcgcttc | cgacctgagc | tcaaggctct | ggtggcttca | gccacaatgg | 480 | |
| acactgcccg | ttttccacc | ttctttgatg | acgcccctgt | gttctgaatc | cccggacgca | 540 | |
| ggtttctgt | ggacatcttc | tacaccaagg | ctccagaggc | tgactacttg | gaagcttgtg | 600 | |
| tagtatctgt | gttgacagtc | catgtgacct | agccccctgg | ggatattctg | gtgttctctg | 660 | 15 |
| caggacagga | ggagattgag | gctgcctgtg | agatgctcca | ggatcgctgc | cgccgcctgg | 720 | |
| gctccaaaat | ccgggagctc | ctggtgctgc | ccatttatgc | caatctgccc | tctgacatgc | 780 | |
| aggcccgtat | cttccagccc | acaccacctg | gggcacgaaa | ggtggttgtg | gcaacgaaca | 840 | |
| ttgctgagac | atcactcacc | attgagggca | tcatttatgt | gctggatcca | gggttctgta | 900 | |
| agcagaagag | ctacaacccc | cgcacaggca | tggaatcgct | cactgtcaca | ccctgcagca | 960 | 20 |
| aggcctcagc | caatcagcga | gctggcaggg | caggtcgggt | ggctgcaggg | aagtgttcc1020 | | |
| gcctgtatac | cgctggggcc | tatcagcacg | agcttgagga | aaccacagtg | cctgagatcc1080 | | |
| agaggaccag | cttgggcaat | gtcgtgttgc | tgctcaagag | cttagggatc | catgacctaa1140 | | |
| tgcactttga | tttcttgagc | cctccaccat | atgagacact | gctgctggct | ttggagcagc1200 | | |
| tgtatgctct | gggagccctc | aaccaccttg | gggagctcac | cacgtctggg | cgaagatgg1260 | | 25 |
| cagagctgcc | gggtggacccc | atgctgtcca | aaatgatctt | agcctctgag | aagtacagct1320 | | |
| gttcagagga | gattcctgaca | gtggctgcca | tgctctctgt | caacaaactcc | atcttctacc1380 | | |
| gaccaaagga | caaggtcgtc | catgctgaca | atgccctgtg | caacttcttt | ctccctggcg1440 | | |
| gtgaccacct | ggttctgcta | aatgtttaca | cacagtgggc | tgagagtggg | tactcttccc1500 | | |
| agtgggtgta | tgagaacttt | gtacagttca | gatcgatgcg | ccgagcccg | gatgtgcggg1560 | | 30 |
| aacagctgga | agggtctctg | gaacgtgtgg | aagttgggtc | cagttcctgc | cagggggact1620 | | |
| ataccgtgt | acgcaaggcc | atcactgctg | gttactttta | ccacacggca | cggttgactc1680 | | |
| ggagtggcta | ccgcacagtg | aaacagcagc | agacagtctt | cattcatccc | aactcctccc1740 | | |
| tctttgagca | acagccacgc | tggtgctct | accacgaact | tgtcttgacc | accaaagagt1800 | | |
| tcatgagaca | ggtaactggag | attgagagca | gttggcttct | ggaggtggct | ccccattatt1860 | | 35 |
| ataaggccaa | qgagctagaa | gatccccatg | ctaagaaaaat | gccccaaaaa | ataggcaaaa1920 | | |
| cacgagaaga | gctagggtaa | gagaaggacg | taaacagaaac | ctgacaccag | ctccttttcc1980 | | |
| ttctatacat | tatttaatac | ctattaaata | aaattatttt | tggataaaag | cttgtgggaa2040 | | |
| catttqqgat | ctaqaataaaa | aaaaaaa | | | 2067 | | 40 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1302 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

ctcgagtga acccatactt gctggtctga tccatgcaca aggcggggct gctaggcctc 60
tgtgcccggt cttggaattc ggtgcggtat gccagctccg ggatgacccg ccgggacccg 120
ctcgcaata aggtggccct ggtaacggcc tccaccgacg ggatcggtt cgccatcgcc 180
cggcgttttg cccaggacgg ggcctatgtg gtcgtcagca gccggaagca gcagaatgtg 240
gaccaggcgg tggccacgct gcagggggag gggctgagcg tgacgggcac cgtgtgccat 300
gtggggaagg cggaggaccg ggagcggctg gtggccacgg ctgtgaagct tcatggaggt 360
atcgatatcc tagtctccaa tgctgctgtc aaccctttct ttggaagcat aatggatgtc 420
actgaggagg tgtgggacaa gactctggac attaatgtga aggccccagc cctgatgaca 480
aaggcagtgg tgccagaaat ggagaaacga ggaggcggct cagtggatgat cgtgtcttcc 540
atagcagcct tcagtccatc tctggcttc agtccttaca atgtcagtaa aacagccttg 600
ctgggcctga ccaagacctt ggccatagag ctggcccca ggaacattag ggtgaactgc 660
ctagcacctg gacttatcaa gactagcttc agcaggatgc tctggatgga caaggaaaaa 720
gaggaaagca tgaaagaaac cctgcggata agaaggttag gcgagccaga ggattgtgct 780
ggcatcggtg ctttcctgtg ctctgaagat gccagctaca tcaactggga aacagtgggtg 840
gtgggtggag gaaccgcgtc ccgcctctga ggaccgggag acagcccaca ggccagaggtt 900
gggctctagc tccctggtgt gttcctgcat tcacccactg gcctttccca cctctgctca 960
ccttactgtt cacctcatca aatcagttct gccctgtgaa aagatccagc cttccctgcc1020
gtcaagggtg cgtcttactc gggattcctg ctgttgttgt ggccttgggt aaaggcctcc1080
cctgagaaca caggacaggc ctgctgacaa ggctgagtct accttggcaa agaccaagat1140
attttttcct gggccactgg ggaatctgag gggatgatgg agagaaggaa cctggagtggt1200
aaggagcaga gttgcaaatt aacaacttgc aaatgagggt caaataaaat gcagatgatt1260
gcgcggcttt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1302

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

tgggccgccc ccgaaccccg cgcgccactc gtcgctcag agggaggaga aagtggcgag 60
ttccggatcc ctgcctagcg cgcccacacc ttactccag agatcatggc tgccgaggat 120

```

DE 198 18 620 A 1

| | | | | | | | |
|------------|-------------|------------|------------|-------------|-------------|------|----|
| gtggtggcga | ctggcgccga | cccaagcgat | ctggagagcg | gcgggctgct | gcattgagatt | 180 | |
| ttcacgtcgc | cgctcaacct | getgctgctt | ggcctctgca | tcttctctgt | ctacaagatc | 240 | |
| gtgcgcgggg | accagccggc | ggccagcggc | gacaggacga | cgacgagccg | ccccctctgc | 300 | |
| cccgctcaa | gcggcgcgac | ttcaccccg | ccgagctgcg | gcgcttcgac | ggcgctccagg | 360 | 5 |
| acccgcgcgt | actcatggcc | atcaacggca | aggtgttcga | tgtgaccaa | ggccgcaaat | 420 | |
| tctacggggc | cgaggggccc | tatgggtct | ttgctggaag | agatgcattc | aggggccttg | 480 | |
| ccacattttg | cctggataag | gaagcactga | aggatgagta | cgatgacctt | tctgacctca | 540 | |
| ctgctgcccc | gcaggagact | ctgagtgaat | gggagtctca | gttcaactttc | aagtatcatc | 600 | |
| acgtgggcaa | actgctgaag | gagggggagg | agcccactgt | gtactcagat | gaggaagaac | 660 | 10 |
| caaaagatga | gagtgcggcg | aaaaatgatt | aaagcattca | gtggaagtat | atctattttt | 720 | |
| gtatttttga | aaatcatttg | taacagtcca | ctctgtcttt | aaaacatagt | gattacaata | 780 | |
| tttagaaagt | tttgagcact | tgctataagt | tttttaatta | acatcactag | tgacactaat | 840 | |
| aaaattaact | tcttagaatg | catgatgtgt | ttgtgtgtca | caaatccaga | aagtgaactg | 900 | |
| cagtgtctga | atacacatgt | taatactgtt | tttcttctat | ctgtagttag | tacaggatga | 960 | 15 |
| atttaaatgt | gttttttcctg | agagacaagg | aagacttggg | tatttcccaa | aacaggtaaa | 1020 | |
| aatcttaaat | gtgcaccaag | agcaaggat | caacttttag | tcatgatgtt | ctgtaaagac | 1080 | |
| aacaaatccc | tttttttttc | tcaattgact | taactgcatt | atttctgttt | tatctacctc | 1140 | |
| taaagcaaat | ctgcagtgtt | ccaaagactt | ttggtatgga | taagcaactag | gcccgtgtcc | 1200 | |
| cggtaacca | aatggaaatc | ttccaaaaca | ggaggetcag | gctggccaaa | aagg | 1254 | 20 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

| | | | | | | | |
|-------------|------------|-------------|------------|-------------|------------|-----|----|
| gcccgcagccc | tcatctgcca | cgcagctctg | gttggagctg | ttgtcttgta | tgtcagcga | 60 | |
| ggcccggaga | gacccgggag | agagctaggc | cgagtcacc | gcccagctct | gctgcccag | 120 | |
| cccgcttac | gcacaaagcc | gcccgtcccc | ggcctggggt | gagcagagcg | accaccgccc | 180 | 55 |
| gggagcagcg | cgccgagacg | cacggtgcgc | cctatgcccc | cgccgccccca | ccgccccgc | 240 | |
| cgccgagccc | gaagcgagc | gagagaacgc | gccaccgcgg | ggcccggttg | cagctagcga | 300 | |
| ccctctcgcc | acctgcgcgc | agcccagaggt | gagcagtga | cgccgagcgg | gagggcagcg | 360 | |
| aggcgttcgc | gggccccctc | ctgctgccc | ggcccggccc | tcatggcggc | catccgcaag | 420 | |
| aagctggtgg | tggtgggcga | cgccgcgtgt | ggcaagacgt | gcccgtgat | cgtgttcagt | 480 | 60 |
| aaggacgagt | tcccagaggt | gtacgtgccc | accgtcttcg | agaactatgt | ggccgacatt | 540 | |
| gaggtggacg | gcaagcaggt | ggaggtggcg | ctgtgggaca | cgccgggcca | ggaggactac | 600 | |
| gacccgctgc | ggccgctctc | ctaccgggac | accgacgtca | ttctcatgtg | cttctcggtg | 660 | |
| gacagcccgg | actcgtcgga | gaacatcccc | gagaagtggg | tccccgaggt | gaagcacttc | 720 | |
| tgtcccaatg | tgcccatcat | cctggtggcc | aacaaaaaag | acctgcgcag | gacgagcatg | 780 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

```

tecgacacaga gctggccgcg atgaagcagg aaccggtgcg cacggatgac ggccgcgcca 840
tggccgtgcg catccaagcc tacgactacc tcgagtgtc tgccaagacc aagggaaggcg 900
tgcgcgaggt cttcgagacg gccacgcgcg ccgctgtgca gaagcgctac ggctcccaga 960
5 acggtgtcat caactgtgtc aaggtgttat gagggccgcg ccgctgcgcg ctgcccctgc 1020
cggcacggct cccctcctcg gaccagtcgc ccgcgagccc ggagaagggg agaccggtgt 1080
cccacaagga cccacccggc ctgcttgcca tctgtctgt gacgcctctg gcttgcgccal 1140
ggacttggcg tgggcaccgg gcgcccccat ccagtggtc gtgtgcgtcc agctgtgtt 1200
cacaggcctg ggctcccccac tgagtgccaa gggctccctg agcatgcttt tctgaagagc 1260
10 cgggctcag agtgtgtggc tgtgtgtctg ttgactccc ctgccccat tttcacccca 1320
ccccgcctc tgatccccgg gggcgagatt ggcgcgggag tgtggccgcg ccccatcaga 1380
tgttcgccct tcaccagcgg gagcttgata tcccttgtct gtaacataga ccccggttac 1440
tgcgggaggg gagggctgtc ggggaggatg gggggatgtt atataaatat agatataatt 1500
ttattttcgg agctaagatg gtgttattta aggttggtga tgggtgagcg ctctggccca 1560
15 ggctgggcca gactccgcgc caagcatgaa caggacttga ccatctttcc aaccctggg 1620
gaagacattt gcaactgact tggggaggac acagcttcag cacagcctct cctgcggggc 1680
agcccgctgc gaacctcca ccagctaccg gagggaggag ggaggatgcg ctgtggggtt 1740
gtttttgcca taagcgaact ttgtgcctgt cctagaagtg aaaattgttc agtccaaga 1800
actgatgtta ttgtatttat ttaaaggcta aaatttggtt ttttattctt tgcacaattg 1860
20 tttcattgtt tgacacttaa tgcactcgtc atttgcatag gacagttagc ttctgaccac 1920
acttgtacgc tgtaacctca tctacttctg atgtttttaa aaaatgactt ttaacaagga 1980
gagggaaaag aaaccacta aattttgctt tgtttccttg aagaatgtgg caaactgtt 2040
ttgtgatttt atttgtgcag gtcatgcaca cagttttgat aaagggcagt aacaagtatt 2100
ggggcctatt tttttttttt tccacaaggc attctctaaa gctatgtgaa attttctctg 2160
25 cacctctgta cagagaatac acctgcccct gtatatcctt ttttccctc cctccctcc 2220
cagtgtgact tctactaaat tgttgtcttg ttttttattt tttaaataaa ctgacaaatg 2280
acaaaatggg gagcttatga tgtttacata aaagtcttat aagctgtgta tacagttttt 2340
tatgtaaaat attaaaagac tatgatgatg acatttttat aaaagaaatc ttgtggttta 2400
atagtgtgta aaaaatccct tgtgaatttg gaacaaggga gatattctcc taggcgagat 2460
30 cctttcttc caactcctt tcccttatag caaatgtagt aaatgaggat gaagtccctt 2520
tgagagcatg tgggggttgg gtgaccaa 2548

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1673 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - 40 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - 55 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

accaatgcac atgtagtaat caaatgtttg gggctagata ttatggtata caaaaaacat 60
taaaatcatg tggtttgcaa gcaaagcaaa catttttgcc aatgtttgca aattggccac 120
65 aaccacaaat tcaagaaatt ttttaaaaag acaaaagcca gttacaaag atttgaccaa 180

```

DE 198 18 620 A 1

```

taaaacccct cgagcccaca gccttatcag ctggggctga gggaagactg gtctaggtgc 240
tgctcctgaa cttgggtctct gagccatggc ttcccataga cactcaggtc cctccagcta 300
caaggtgggc accatggcgg agaagtttga ctgccactac tgcagggatc ccttgcaggg 360
gaagaagtat gtgcaaaaagg atggccacca ctgctgcctg aaatgctttg acaagttctg 420
tgccaacacc tgtgtggaat gccgcaagcc catcggtgcg gactccaagg aggtgcacta 480
taagaaccgc ttctggcatg acacctgctt ccgctgtgcc aagtgccttc accccttggc 540
caatgagacc tttgtggcca aggacaacaa gatcctgtgc aacaagtgca ccactcggga 600
ggactcccc aagtgaagg ggtgcttcaa ggccattgtg gcaggagatc aaaacgtgga 660
gtacaagggg accgtctggc acaaagactg cttcacctgt agtaactgca agcaagtcac 720
cgggactgga agcttcttcc ctaaaaggga ggacttctac tgcgtgactt gccatgagac 780
caagtttgcc aagcattgag tgaagtgaac caaggccatc acatctggag gaatcactta 840
ccaggatcag ccctggcatg ccgattgctt tgtgtgtgtt acctgctcta agaagctggc 900
tgggcagcgt ttcaccgctg tggaggacca gtattactgc gtggattgct acaagaactt 960
tgtggccaag aagtgtgctg gatgcaagaa cccatcactt gggtttggtg aaggctccag1020
tgtgggtggc tatgaaggaa aatcctggca cgactactgc ttccactgca aaaaatgctc1080
cgtgaatctg gccaaacaagc gctttgtttt ccaccaggag caagtgtatt gtcccgaactg1140
tgccaaaaag ctgtaaaactg acaggggctc ctgtcctgta aaatggcatt tgaatctcgt1200
tctttgtgtc cttactttct gccctatacc atcaataggg gaagagtggc ccttcccttc1260
tttaaagttc tccttcctgc ttttctccca ttttacagta ttactcaaat aagggcacac1320
agtgatcata ttagcattta gcaaaaagca accctgcagc aaagtgaatt tctgtccggc1380
tgcaatttaa aaatgaaaac ttaggtagat tgactcttct gcatgtttct catagagcag1440
aaaagtgcta atcatttagc cacttagtga tgtaagcaag aagcatagga gataaaaccc1500
ccactgagat gcctctcatg cctcagctgg gacccaccgt gtagacacac gacatgcaag1560
agttgcagcg gctgctccaa ctcactgctt caccocgttt ctgtggagcc gggagaagg1620
accctactgg accatggcat ggggttaact ttctcatca ggactctggc cct 1673

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1593 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```

ggggccagga cgccgccgg cgcgagtg ctgcctgcg cggggacact cagagcccg 60
tgggcgggag gaagcgcca tgcccagac ggtgatctc ccgggccctg cgccctggg 120
cttcaggctc tcagggggca tagacttcaa ccagcctttg gtcatcacca ggattacac 180
aggaagcaag gcggcactgc caacctgtgt cctggagatg tcatcctggc tattgacggc 240
tttgggacag agtccatgac tcatgctgat gcgcaggaca ggattaaagc agcagctcac 300
cagctgtgtc tcaaaattga caggggagaa actcacttat ggtctccaca agtatctgaa 360
gatgggaaag cccatccttt caaaatcaac ttgaatcag aaccacagga attcaaaccc 420

```

DE 198 18 620 A 1

```

attggtaccg cgcacaacag aagggccccag cettitgttg cagctcctaa cattgaigac 480
aaaaagcagg tagtgagcgc ttctataaac tgcctcactg ggctctatcc aactagcaat 540
atacaagatg cgcttcacgg acagctgogg ggtctcattc ctactccacc tcaaacagag 600
5 cccacagcct cgggtgcccc cgagtcggac gtgtaccgga tgcctccacga caatcggaat 660
gagccacacac agcctcgcca gtcgggctcc ttccagagtgc tccagggaat ggtggacgat 720
ggctctgatg accgtccggc tggaaacggg agtgtgagag ctccgggtgac gaaagtccat 780
ggcgggttcag gcgggggcaca gaggatgccg ctctgtgaca aatgtggggag tggcatagtt 840
gggtgctgtgg tgaaggcgcg ggataagtac cggcaccctg agtgcttcgt gtgtgccgac 900
10 tgcaacctca acctcaagca aaagggtctac ttctcatag aaggggagct gtactgcgaa 960
acccacgcaa gagccgcac aaagcccca gagggctatg acacgggtcac tctgtatccc1020
aaagcttaag tctctgcagg cgtggcacgc acgcacgcac ccacccacgc gcacttacac1080
gagaagacat tcatggcttt ggcagaaagg attgtgcaga ttgtcaactc caaatctaaa1140
gtcaaggctt tagaccttta tctattgtt tattgaggaa aaggaatggg aggcaaatgc1200
15 ctgctatgtg aaaaaaacat acacttagct atgttttgca actcttttg gggctagcaal260
taatgatatt taaagcaata attttttgta tgtcatactc cacaatttac atgtatatta1320
cagccatcaa acacataaac atcaagatat ttgaaggact ctaattgtct ttccttgacal380
agttgatatt gcaattgtgg taaatagcaa ataacaatct tgtattctaa cataatctgc1440
agttgtctgt atgtgtttta actattacag tgcattgttag ggagaaattc cctgaatttc1500
20 ttttagtttg tattcaaaaa attatgccac tgcattgcaac aaacataata aatacataaa1560
agatttaaaa aataaaaaaa aaaaaaaa aaa 1593

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 572 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

cattcttttg gcgtgagtca tgcaggtttg cagccagccc caaagggggg gtgtgcgcga 60
gcagagcgct ataaatacgg cgctcccgag tgcccaaac gcggcgctgc caggaggagc120
gcgcggggcac aggggtgccg tgaccgaggc gtgcaaagac tccagaattg gaggcattat180
gaagactctg ctgctgtttg tggggctgct gctgacctgg gagagtgggc aggtcctggg240
ggaccagacg gtctcagaca atgagctcca ggaatgtcc aatcaggga gtaagtacgt300
caataaggaa attcaaatg ctgtcaacgg ggtgaaacag ataaagactc tcatagaaa360
aacaaacgaa gagcgcaaga cactgctcag caacctagaa gaagccaaga agaagaaaga420
ggatgccta aatgagacca ggggatcaga gacaaagctg gaggggctcc caggagtgtg480
caatgtgacc gtggtgggac tctggggaga gtgtaagccc ttccttaaac agacctgcat540
65 gaagtgtgct aacgggtgtt cagaaagtgg ct 572

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2520 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16 30

```

cgctcctcta cccaattttt ttttttagag atgaaaggct gcagaaatgt ttattgaata 60
cagtgccagg tttataaata aaacgtatct acaattttcca tagagttggc ccccatcag 120
agaggtggtt aaatctccaa acagtttatc tcaagattta cagaaacgtc caagtacatc 180
tccttttcaa atagccatgg tgaagggcaa cttcagtaac aaaagaacta ccaccatctt 240
tgctacagaa gtgtttaata aacatcataa tagatttgga gaaagaacac acactccacc 300
catgccacta ccttcttact ccaagggata cagacagcaa agaatttctg tctoctacag 360
gacaacttca ggggattaaa aaaacagtaa ctgccagctg gagggataga ttaagacaca 420
ttagtggaat tctagtcact gccaaaggag aaatatattt aggatataca ataaataatt 480
caaatgctta aaataattga atgaacggaa gagtagactt gaccaaattt acattcgttg 540
ttcaggaaga gattcccagt atgctgaggg gttcgtggta agctattcct ctgacgagac 600
acagcagcgc tgggcctact gcacagccgt tcattacaat attgttaca gtacaatcag 660
acatgcattt ataaagagaa tataaaaaata tgtacaatag ctcatcttca atgtgtgtaa 720
gttgccgaaa gacaccaatg aaagtgtgca aaaattcatt tgtcaaaaaa tcagaaaaag 780
ccttccttgg caacagtgca tcaaaagccc atctgaaata tcgagatcca tttgcctcgc 840
tcaacaccta ccccaaacag atggagaaca aaactatgaa agggtttgcc aagtactcag 900
cagttttcta tggcaagtct caggctaaag caggatgcca gttcaactaa tcactttata 960
tataaatata tgtatatatt tataagtag ttagaagtag gggcaagagt ttacaggaag 1020
gtcctaacca acttcaaggg cactgccagg acaccagct atttctctc acaaactcat 1080
gcagactaac acccaacgcc tgggctggtc atcccccaa ataccagggc ggaaggctac 1140
agtggattct gcctcacctc tgcctcaaac tggaaactcag cattccctgg agggggaggg 1200
tgtagggttt ctggttccca gacacgatcc tggccataca agaactcctg ttcaaaggta 1260
gtcttttagg atacgctgca ggaccactaa gagtccaccc agcttctaaa gacttgaggg 1320
ttagaaggct acatttcgaa aaaacaagtc aaatatcccc ctccagcccc ctttgaaact 1380
accgagaggt catcgaccac aggcctgaga ctgggtcagc aatcaggctc tttgaccacc 1440
ccctgccaca agaaatatcc aggacattaa ctactcaaa ccaggaaccc tatctacca 1500
gaagagaaac cccaaggtaa ccttaggcac tcctttcaga ttcaggtaat tacaaaagcc 1560
aacccttagc tcatagtgtc aacatctcct ctaccaacca ccagcccaa ggaccagtag 1620
cagaagcaca tgggcgctgt ctcccctcca ctgctctgac ccacccctct ggcagaaaat 1680
ctaacaagct acaaaatgcc agaaagacag ggagtaggag aaggagaagc caagggtctc 1740
tataaatcag ccctgaatgc acccatttgg ctgccaagag cttctcactg ccttgctagc 1800
agcctgccac tgttccctgg caaattgaaa ccaccacgc aaacactcaa aacccaatc 1860
tccttgctaa taagatacaa ccagttaaca ccgtgaaaaa tgcacatctc cagccttcat 1920
ttcaaaaaag agctctgtac taaatgcaat atgcttttaa aggggggttt acagggacca 1980

```

DE 198 18 620 A 1

```

atctcaatgc aaagaccagt accagatgtc tgagtcttg ttacaggttt ataattagac2040
acaaaattca ctccacactg gagttttact ttcaagctgg aagctagcat tagttctact2100
tggtggggaaa aaagcaaagt caagtcaact tgggaaaaaa aaaaaaagga ggaggaggct2160
aagtataatc ataaattaaa agtcgcgaat caaagggtgac tggtagtgtc ttttaggcat2220
gaagagactg gcttacaaaa gtgactactg cttctaccac acacagcgaa gattgaatta2280
cagacacact aaatcatgtc tcttgagat ggtctcaagt agttacataa gacaggtaat2340
cagcagcaca attgagaaca acccctaaat acatgcttga gagaaagtgg gttttttttt2400
tccttaagag ctctactgcc tgaatagatc attaaaagtt accataattc accttcccccc2460
ctccccccag tgaatatgca actagaccta catgttccat aaataggatg aagtcctctgc2520

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60
tagtcaccat ggcttggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
aggggcaggc gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaagggaagt tctgacagac 240
aatggaacta cgctgcgatg cccacaccac agagcctcgg ggaaccacag gagtgttgtt 300
gggaggagat caacagggct ggcattggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360
tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgtctga tcgggagtgg cagttttact 420
gttgtcgcta cagcaagagg tgcccattt cctgctggct aacaacagaa tatccaggtc 480
actatggtga ggaaatggac atgatttctt acaattatga ttactatatc cgaggagcaa 540
caaccacttt ctctgcagtg gaaagggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600
ctgaatacga ctgtgaattt gcaaatgttt agatttgcca cataccaaat ctgggtgaaa 660
ggaaaggggc cggggacagg aggggtgtcc catatgttaa catcagttgg atctcctata 720
gaagtctctg ctgtctctt tcttctctcc tgagctggta actgcaatgc caacttctctg 780
ggcctttctg actagtatca cacttctaataaaaatccaca attaaaccaa gtttctcact 840
tttcacatgt ttcatagcaa ctgctttata tgactgatga tggcttcctt gcacaccaca 900
tatacagtgc gcatgcttac agcggggtt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
tttttactgc agaattgaact gcaagtgcag catagtggag gggagaggca gaactggagg1020
agagggtgcag tgaagggtct ctacagctaa gcctgtttga atgatacgtg ggttccccac1080
caaaagcagg ctttctgccc tgagggacat ctccaccctc ccctgtctca catgagccat1140
gcatgcttag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggagggt1200
aaatggggaa atggaagggt ttggaggcag agctgaaaac aggggttgaa ggatttctctg1260
aattagaaga caaacgttag cataccaggt aaggaaaatg agtgaggagg ccagggggaa1320
ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaagggaag cagagaatgg tcagagaatg1380

```

DE 198 18 620 A 1

ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaaactggg aagtggaaaa1440
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcttaggaag gctggcagac1500
accctggaac cctggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga tttttttggt1560
gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca1620
gagatggcgc tatctttcct cctcctgtga tgcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680
ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

tgaccaagaa acagggccta aggatcattt tctcgatgc atcacggctc atcttccggc 60
tcagttcctc cagtgggtgt cgggccaccc tgcagactgt acgcagagag ctacgagagg 120
gatcccagcg gccatgacca ggagccacag gcagtgtctga gccctctcat agccatcgca 180
ctgaaaaatat ccagattcca tgagagaact ggccggaggg gacccactgt catcacctga 240
atagaggaaa gatcactcac cagggccaaa gagagtgtc agcgggagat gcttactga 300
tgccctcttg ctacctgttt gtgcctctta tgactttgga aaaaacaaaag atattttgct 360
tttgggggat agagggtggg tgggaaaaga aaaaaaatcc atttggtttt ggttttgtcc 420
tattcctcca aatgcagcag ggcccttagt tgtctgttaa agctgcaacta taatttggtg 480
tctacatttt atcacacaaa ggaacctccc cttttgacaa caactgggct aggcagctgt 540
taatcacaaac atttgtcat cacttgtgcc aagtggagaa atgttctaaa atcacaaagag 600
agaacagtgc cagaatgaaa ctgacctaa gtcccagggtg cccctgggca ggcagaagga 660
gacactocca gcatggagga gggtttatct ttctaccta ggtcaggtct acaatggggg 720
aaggttttat tatagaactc ccaacagccc acctcactcc tgccacccac ccgatggccc 780
tgccctcccc atcccatccc caacatccct gtaccacctt ctctcacatc ttctaaagct 840
ttgtacaaat cacaaatggg cacttccaac aaaatatatc aatagggtgt ttctctctt 900
attttgtaaa tagtattatt ttagctatta agctggatac cttctttcaa attcagccat 960
tcagttgtaa agttgggaag aagtttcttg acaagactct gcaattaaat gcttaaaatt1020
tggaggggat ccttccttga ttacatcaag tatgttggtg catgggttta tacaagttcc1080
tcttgagaag gcaaaaagac caccatgtgt gagagctctt tgacttggcc aatagggggc1140
tatcttaatg cacttgtttg gacacatttc tgatcttatt tgtaaaggct gcaaaaaggag1200
aggatgaaat ggtgtaaaag taggaaatga agtggaagct ggaagaaaat gtaattgggtg1260
gtacagctat gggccagatg gtggagggga ggggtggggc cccctgccggc aagcagagt1320
tcacagctgg ctttctcac ttgggaaaag ggtactgccg gtctagcagc ctctctgtg1380
ctcagccagg acaccagcg cgtgggacct gtttgtgtct gttttgcttc cttgggaacg1440
gcacagtcac tcacctgcc atttgcggaa atgacctggg gcactttgac tgtaagcaal1500
tgcgttattg ctgtagtcaa ggttagtgca agcaaggaaa cattcccagt aaggtatttg1560

40

45

50

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

tttccatttt ctgtctgtgc ttctgtcaga aacttgctag gacttttagtg gccataaaaa1620.
aagaaattcc taatttcaac cttaaaaa 1648

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1102 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

| | | | | | | |
|------------|------------|------------|------------|-------------|------------|------|
| tgccgcccgg | gctgggtccc | accagggaga | agcagaattt | gcccgcattca | tgagcattgt | 60 |
| ggaccccaac | cgccctgggg | tagtgacatt | ccaggccttc | attgacttca | tgteccgcga | 120 |
| gacagccgac | acagatacag | cagaccaagt | catggcttcc | ttcaagatcc | tggtctggga | 180 |
| caagaactac | attaccatgg | acgagctgcg | ccgcgagctg | ccacccgacc | aggctgagta | 240 |
| ctgcatcgcg | cggatggccc | cctacacccg | ccccgactcc | gtgccagggt | ctctggacta | 300 |
| catgtccttc | tccacggcgc | tgtacggcga | gagtgacctc | taatccaccc | cgcccgcccg | 360 |
| ccctcgctct | gtgcgccttg | ccctgccttg | cacctccgcc | gtcgcccatc | tctgcctgg | 420 |
| gttcggtttc | agctcccagc | ctccaccgcg | gtgagctggg | gcccacgtgg | catcgatcct | 480 |
| ccctgcccgc | gaagtgcacg | tttacaaaat | tattttctgc | aaaaaagaaa | aaaaagttac | 540 |
| gttaaaaaac | aaaaaactac | atattttatt | atagaaaaag | tattttttct | ccaccagaca | 600 |
| aatggaaaaa | aagaggaaa | attaactatt | tgcaccgaaa | tgtcttggtt | tggtgcgaca | 660 |
| taggaaaata | accaagcaca | aagttatatt | ccatcccttt | tactgatttt | tttttcttct | 720 |
| atctgtttcc | tctgctgtat | tcatttctcc | aatctcatgt | ccatttttgt | gtgggagtcg | 780 |
| gggtaggggg | tactcttgct | aaaaggcaca | ttggtgcatg | tgtgtttgct | agctcacttg | 840 |
| tccatgaaaa | tattttatga | tattaaagaa | aatcttttga | aatggctgtt | ttttaaggaa | 900 |
| gagaatttat | gtggcttctc | atttttaaat | cccctcagag | gtgtgactag | tctctttatc | 960 |
| agcacacact | taaaaaattt | ttaatatgtt | ctattaaaaa | taggacaaac | ttggagagta | 1020 |
| tggacaactt | tgatattgct | tggcacagat | ggtattaaaa | aaaccacact | cctatgacaa | 1080 |
| aaaaaaaaaa | aaaaaaactc | gg | | | | 1102 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```
gcgcgctgat tggacgcgtg gggcgaggcg gaggagagcc gtgcgcacgg cgtatgtggg 60
gccgtgtgca gaccgcgctg tggcgaggcg aaggaccctc aaaataaaca gcctctacct 120
tgcgagccgt cttccccagg cctgcgtccg agtctccgcc gctgcgggcc cgctccgacg 180
cggaagatct gactgcagcc atgagcagca atgagtgtct caagtgtgga cgatctggcc 240
actgggcccc ggaatgtcct actggtggag gccgtggctg tggaatgaga agccgtggca 300
gaggtttcca gttgtttcc tctctcttcc cagatatttg ttatcgctgt ggtgagtctg 360
gtcatcttgc caaggattgt gatcttcagg aggatgcctg ctataactgc ggtagagggtg 420
gccacattgc caaggactgc aaggagccca agagagagcg agagcaatgc tgctacaact 480
gtggcaaac accgcatctg gctcgtgact gcgaccatgc agatgagcag aaatgctatt 540
cttgtggaga attcggacac attcaaaaag actgcaccaa agtgaagtgc tatagggtgtg 600
gtgaaactgg tcatgtagcc atcaactgca gcaagacaag tgaagtcaac tgttaccgct 660
gtggcgagtc agggcacctt gcacgggaat gcacaattga ggctacagcc taattatttt 720
cctttgtcgc cctccttttt tctgattgat ggttgtatta tttctctga atcctcttca 780
ctggccaaag gttggcagat agaggcaact cccaggccag tgagctttac ttgccgtgta 840
aaaggaggaa aggggtggaa aaaaaccgac tttctgcatt taactacaaa aaaagtttat 900
gtttagtttg gtagagggtg tatgtataat gctttgttaa agaaccctt tccgtgcca 960
ctggtgaata gggattgatg aatgggaaga gttgagtcag accagtaagc ccgtcctggg 1020
ttccttgaac atgttcccat gtaggaggta aaaccaattc tggaaagtgc tatgaacttc 1080
cataataaac tttaatttta gtataatgat ggtcttggat tgcctgacct cagtagctat 1140
taaataacat caagtaacat ctgtatcagg cctacatag aacatacagt tgagtgggag 1200
taaacaaaaa gataaacatg cgtgttaatg gctgttcgag agaaatcgga ataaaagcct 1260
aaacaggaac aacttcatca cagtgttgat gttggacaca tagatgggtg tggcaagggt 1320
ttagaacaca ttattttcaa agactaaatc taaaaccag agtaaacatc aatgctcaga 1380
gttagcataa tttggagcta ttcaggaatt gcagagaaat gcattttcac agaaatcaag 1440
atgttatatt tgtatactat atcacttaga caactgtgtt tcatttgctg taatcagttt 1500
ttaaagtca gatggaaaga gcaactgaag tcctagaaaa tagaaatgta attttaaaact 1560
attccaataa agctggagga ggaaggggaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

ggagggcgcg ggagagtagg gtgctgtggt ctgagctaga gggagaagct ggaggacagg 60
aggatgggcy tatgcagggt atagactaga gaacaagacc tctgtctccg tagcatcctg 120
ggcgagcagt ctgaatgccca gaatggataa ccgttttget acagcatttg taattgcttg 180
tgtgcttagc ctcattttcca ccatctacat ggcagcctcc attggcacag acttctggta 240
tgaatatcga agtccagttc aagaaaattc cagtgtattg aataaaagca tctgggatga 300
attcattagt gatgaggcag atgaaaagac ttataatgat gcactttttc gatacaatgg 360
cacagtggga ttgtgggagac ggtgtatcac cataccctaa aacatgcatt ggtatagccc 420
accagaaagg acagagtcac ttgatgtggt cacaatatgt gtgagtttca cactaactga 480
gcagttcatg gagaaatttg ttgatcccgg aaaccacaat agcgggattg atctccttag 540
gacctatctt tggcgttgcc agttcctttt accttttgtg agtttaggtt tgatgtgctt 600
tggggctttg atcggaactt gtgcttgcac ttgcgaagc ttatatccca ccattgccac 660
gggcattctc catctccttg caggctctgtg tacactgggc tcagtaagtt gttatgttgc 720
tggaattgaa ctactccacc agaaactaga gctccctgac aatgtatccg gtgaatttgg 780
atggtccttc tgccctggtt gtgtctctgc tcccttacag ttcattggctt ctgctctctt 840
catctgggct gctcacacca accggaaaga gtacacctta atgaaggcat atcgtgtggc 900
atgagcaaga aactgcctgc tttaacaatt ccatttttat ttttttaaaa taatactgat 960
attttcccca cctctcaatt gttttaattt ttaaattggg ggatatacca ttttattatg 1020
gaaaatccat ttaatttata caccattcac cactaaatac ccccttaat accccctaaa 1080
atttaagggg gggtaccta aagcgatg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 675 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

| | | | | | | | |
|------------|------------|------------|------------|-------------|------------|-----|----|
| agggaaagag | agagagaggc | ctagacgaac | acaatcacat | gttttctttg | ctgttcctcc | 60 | |
| cgggatgggc | ctgttttggg | gtttgggact | ctgaaccgga | gcgggggttc | ttcgcttgac | 120 | 5 |
| tttgatcctg | gtccttaaat | gcctttcccc | actcccctcc | cgtgggttca | ggggccaagc | 180 | |
| ggccctcct | cagagcacgg | gcagcacctg | ctcctggacc | cctgtgtgcc | agcctctgca | 240 | |
| gacgcagctg | gtgggagggg | gcattggatt | ggaggtggag | aagtcaactcc | tggtcctcgg | 300 | |
| aggggtggg | ctgtgtgcct | agttcagtg | gactcgggga | ttggtgagg | cgacaggtt | 360 | 10 |
| tctgaggcct | ccctagcctt | ctttgtaaat | tcacacgaga | tagtccagg | ctttccagcg | 420 | |
| cccagcttgg | atgataatcc | tcgtgtcccc | cactctaagg | cctccttgag | atttctttgg | 480 | |
| ggtctaccac | gtcctctgcc | tgtctccagg | tggtacagga | gatgtggttc | ctgtccctct | 540 | |
| cctgggtccc | tagggggccc | cagggccct | ccctgtagct | ttagctgacc | ccatggtggt | 600 | |
| gggtgtggg | tctgtgcgcg | tgctcaggta | agcttggggg | ctccaggtaa | gcggtcccga | 660 | 15 |
| agaacggggg | gggag | | | | | 675 | |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 350 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

| | | | | | | | |
|------------|------------|------------|-------------|------------|------------|-----|----|
| agcagagcaa | ggttggttc | gctcctctg | cagaacctcg | gctctcagga | ggctcctgtt | 60 | |
| ccagggaaca | gctgcttctc | tgggggctgg | ggcttctaac | ttccctggca | gcccctcggc | 120 | 50 |
| actaaccag | ctggaaacca | ggggaacaaa | cgccctggag | tgccaaacct | ttcgtgtcta | 180 | |
| ttttttccag | aaaaacggg | gcaatggctg | ttgaggagcc | catttgggaa | gaactggtgc | 240 | |
| ctctaattgg | gcaaatggat | tctgcagggg | gctgcagttg | ggcagggaaa | attccttcaa | 300 | |
| acaaggggtt | ccaccctaac | ccaggccccg | gcttcaaattg | gccagaaaaa | | 350 | 55 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 746 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

ccccccctcc  tccggctttt  ttttttttat  ttaagaaaat  ttatttctac  ttctacagca  60
gaaatacggg  aatggtacag  gtttgggcaa  atcatacttt  atgaaatgga  tcctcatacc  120
acatcctttt  taatacaggc  acgttataac  ataattcctg  gattttcaaa  atccagccaa  180
cacggatacc  tctgctactc  tgttttgccc  ttcatagctg  cttcctcttt  cagacgagct  240
ttcttttcta  agttcaagct  tgtaaagtc  tcgtgtcttt  ggcagcctt  cttgcctca  300
ataaccatga  agatgcattc  taccaccgtc  agggcaatca  ttagatagct  gatcttcact  360
cgcatcttgt  tctttgcagc  atcaagcatt  tccaacgaga  cagtctctgg  gatttcattc  420
tcctttttga  agcgacctga  ccatatgagg  atctttttct  gccaatccgt  aggtttgtgt  480
aaaggcactc  tgttgtaagt  gcgggatgga  gtcocgggac  tttcctgtgg  ttttggtcaa  540
aatccattta  ttctcttcaa  atcagagctt  ctggttaagc  ttagagatga  ggaaacattc  600
ctttcacata  acctaaaaca  gtttcctgct  gccaggcgca  gaccgctgag  gtcctccatg  660
gccacttgct  actccgcgca  ccagcgcgca  acttcgcggg  ggacggtggc  gctggtgagc  720
tcaatgtcac  ccagcgttgg  agtggg
746

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 217 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agtgtatggc agcaaatgag ggatcataac tctcagttta ttgatgatta ttcacccctca 60
gatggaggag tttatccgtc agccacttca gtttcgtctt aaaacaggag cccacaggac120
ccaagggaact attaaggagg accaggaacc taggtttttt ctttcaaaaa attggcccta180
gcccaataaa tgaaggaaaa aattaggcac cttttttt                217

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 392 Basenpaare

15

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gcggatccgg cgttctccac tgatcttttc caaggctgta cagacatggc ggcggttttt 60
cggaaggcgg ctaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagcagtga ctaccgtaaa120
aaacaagaat acctcaaagc tcttcggaag aaggctcttg aaaaaaatcc agatgaattc180
tactacaaaa tgactcgggt taaactccag ggtggagtac atattattaa ggagactaag240
gaagaagtaa ccccagaaca actaaagctg atgagaactt caggacgtca aatatatagg300
aagggaagag ggtgcagaag ctaagaaaat cgaagactaa aatcagggcc catctgcggg360
ttgcagggga ggcaggaaaa ggttggtttt tt                392

```

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1796 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

15  cggtctgaac gtattagttg ttcttaattt ttttcccagt aaaatatgga tctttttaaga 60
    agaatttgag aagcaaacaa ttacatgtca tgtcaagggg gtagcagatt ccatttcgttt 120
    tcaatattgc cacaataccc agggattaat gctgccacag gggggcaatc tttatttgtc 180
    ttacttctta ccccttccct gttctgcttc ttaactcag ttaagttggt ctgtttggga 240
20  cctggaaaaag aaccacaaga aaacctgagt ggacagggtc atttctggaa tgcagaaaac 300
    attttaaaagg ctagattttt agaataattc caactagcat tctttccatt gatttgaagg 360
    ggaaattaac tattataatc tcttgaatcc aaaactggat attaagaact ttccccctta 420
    ctaagtttaa gacttttgtc atgtggtgag tcaaataaga ccattttgat tgtaaaccat 480
    aaaatagttc agcaagtagc ccacagttct ggccaaacag cagacttgct gttttcactt 540
25  ggatccttg agttgggttg ctaaccttaa tttctatgat gttttctaaa atgaaacttg 600
    ataaagtaga ccaccagctg caccgtgttt tctgtaaaag tattgttagt aagtggccaa 660
    gagacttgag gaaaatacag attttttggt taccttggtc ttgttttaag tcttaaaaaa 720
    ttaaagataa cattataatg tagaatacag atgggacata gtccctgtaa gcttcccttg 780
    aaaatgtttt aatatattag gaagctttta aaagacacta aattgtactc taaaagacac 840
30  taaattgtac taattgaca aaggtcaagc caattttatg aaacagtcct acagagtaat 900
    atatgtgatg cagtgtaaag aggaaaatac tcatctctaa cattatggta ataacattta 960
    gctctttagg agttggaagc gggggatggg taattacaga tttgcagact atagaaaagag1020
    ttccattttt ttgtgacccc acagagtctc aaatttttat ttactacct gctagagcct1080
    actgtgaaat cactgtcca tatttgccag tggaggaaat gggcatagag tagagaatag1140
35  ctccatctct ttacacgttt gcatagacta cacacatgtc atgcgtttat ggcaggtagc1200
    tggattttat tccccaaagt aataatgttg aagtatgggt ctcatcattc ccatacacag1260
    aaacacaaaa cactttgatc ataaactttt ttcttcagaa gccaaactaa cttgcagaat1320
    aatagagcca ctggtttaat gtttccctca gataggtttt agtgtaagct agtattctgt1380
    gtgttcgtag aaatgattca atacctgcag ctggtgaatt aggaattgta tttgttgctt1440
40  tt-tttataat agatgaggtg caaaaatttt aatgctagtc agtatgcacc accacaggaa1500
    agttagatcc cattagcact tgaaactaca gctttggaaa cttaggctaa gtttaatttg1560
    atttgttact tgattcacct actgaccttt tcttttggtt gaagtgccta tcagcataat1620
    gagctaagtg tcatgcatat ttgtgaagaa acaccctttt tgggtccctt tgggacagag1680
45  aggtactcct tgatctttat gaatgacagg ttactgtttt gccttattgc ttaacttaat1740
    gtagtgaaat aaagcagaca aagcttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa tgcagc 1796

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 575 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

ctgaagagca gatcagagggc aggggaaaaac cacgcagaag caggagctga agacctcaga 60
ccggcaccag ggacagctta atgaagacaa actgaagggg aaactgagat ccttagaaaa120
ccagctatac acctgtaccc agaaatactc cccttgggga atgaaaaaag tactactgga180
gatggaagac cagaaaaaca gctatgagca gaaggccaag gactcactgc agaaagtgt240
ggaggagaaa atgaatgcag agcagcaact acagagcaca cagcgatccc tggccctggc300
agagcagaag tgtgaagagt ggaggagcca gtatgaggct ctgaaggagg actggaggac360
ccttgggacc cagcacaggg agctggagag ccaactccac gtgcttcagt ccaactgca420
ggggagcaga tagcagggac ttacagatga acccaggccc ttcgattttt ggaaaaatgag480
caccaggaa cttcaggcca agattgattg ccttcaaagg ggacagagac ctttgcaact540
tgggtaccca gggcctgcaa gatcaactga aaagg 575

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 30

(A) LÄNGE: 2927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29

```

gaagaaaaag aggaggaaaa aggtagggag aaataaaggg aggagagaag cacagtgaaa 60
gaaaaaaaaa gtcccttttc gacatcacat tcctgtgttt toctcagcc tggaaaacat 120
attaatccca gtgcttttac gcccggaac aaagagacta agccagacta tgggggaaaag 180
ggagataaga aggatcctgg aactttaag agggaaagag tgagattcag aaatcgccag 240
gactggactt taagggacgt cctgtgtcag cacaagggac tggcacacac agacacacga 300
gaccgaggag aaactgcaga caaatggaga tacaagact tagaaggaca gctcctttca 360
cctcatccta cttgtccaga aggtaaaaag acacagccag aaagaaaagg catcgggtca 420
gctctcagat caggacaggc tgtggatctg tggcgtact ctgaaagctg gagctgcagc 480

```

```

acaccccttt tgtattgctc accctcggtg aagagagaga gggctgggag gaaaagtagt 540
tcatctagga aactgtcctg ggaaccaaac ttctgatttc ttctgcaacc ctctgcatlc 600
catctctatg agccaccatt ggattacaca atgacatgga gaatgggacc ccgtttcact 660
5 atgtgtgttg ccatgtggct agtgtgtgga tcagaacccc acccccatgc cactattaga 720
ggcagccacg gaggacggaa agtgcctttg gtttctccgg acagcagtag gccagctcgg 780
tttctgaggc acactgggag gtctcgcgga attgagagat ccaactctgga ggaaccaaac 840
cttcagcctc tccagagaag gaggagtgtg cccgtgttga gactagctcg cccaacagag 900
ccgccagccc gctcggacat caatggggcc gccgtgagac ctgagcaaaag accagcagcc 960
10 aggggctctc cgcgtgagat gatcagagat gagggggtcct cagctcggtc aagaatgttg1020
cgtttccott cgggggtccag ctctcccaac atccttgcca gctttgcagg gaagaacaga1080
gtatgggtca tctcagcccc tcatgcctcg gaaggctact accgcctcat gatgagcctg1140
ctgaaggacg atgtgtactg tgagctggcg gagaggcaca tccaacagat tgtgctcttc1200
caccaggcag gtgaggaagg aggcaagggt agaaggatca ccagcgaggg ccagatcctg1260
15 gaggcagccc tggaccctag cctcatcctt aagctgatga gcttctgaa gctggagaag1320
ggcaagtttg gcatggtgct gctgaagaag acgctgcagg tggaggagcg ctatccatat1380
cccgtaggc tggaagccat gtacgaggtc atcgaccaag gccccatccg taggatcgag1440
aagatcaggc agaaggcctt tgtccagaaa tgtaaggcct ctggtgtaga gggccaggtg1500
gtggcggagg ggaatgacgg tggaggggga gcagggaagg caagcctggg cagcgagaag1560
20 aagaaaggag acccaaggag agcaaaagt ccaccaacca gagagagtcg ggtgaaggtc1620
ctgagaaaaa tggccgcccac tgcaccagct ttgcccacac ctccctcaac cccagagccc1680
accacccctc ctctcgcccc agccacaaca gtgactcggg ccacgtcccg ggcggtaaca1740
gttgetgcaa gacctatgac caccactgcc tttcccacca cgcagaggcc ctggaccccc1800
tcacccctcc acaggccccc tacaaccact gaggtgatca ctgccaggag accctcagtt1860
25 tcagagaatc ttaccctcc atcccggaag gatcagcaca gggagaggcc acagacaacc1920
aggaggccca ccaaggccac cagcttgag agcttcacaa atgccctcc caccaccatc1980
tcagaaccca gcacaagggc tgcgggccc ggcggtttcc gggacaaccg catggacagg2040
cgggaacatg gccaccgaga ccaaatgtg gtgocaggtc ctccaagcc agcaaaggag2100
aaaocctcca aaaagaaggc ccaggacaaa attcttagta atgagtatga ggagaagtat2160
30 gacctcagcc ggctactgct ctctcagctg gaggacgagc tgcaggtggg gaatgttccc2220
cttaaaaaag caaaggagtc taaaaagcat gaaaagcttg agaaaccaga gaaggagaag2280
aaaaaaaaga tgaagaatga gaacgcagac aagttactta agagtgaata gcaaatgaag2340
aagtctgaga aaaagagcaa gcaagagaaa gagaagagca agaagaaaaa aggaggtaaa2400
35 acagaacagg atggctatca gaaacccacc aacaaacact tcacgcagag tccaagaag2460
tcagtggccg acctgctggg gtcctttgaa ggcaaacgaa gactccttct gatcactgct2520
cccaaggctg agaacaatat gtatgtgcaa caacgtgatg aatatctgga aagtttctgc2580
aagatggcta accgaaaaat ctctgtgac accatcttcg gccctgtcaa caacagcacc2640
atgaaaatcg accactttca gctagataat gagaagccca tgcgagtggg ggatgatgaa2700
40 gacttggtag accagcgtct catcagcgag ctgaggaaag agtacggaat gacctacaat2760
gacttcttca tgggtgctaac agatgtggat ctgagagtoa agcaatacta tgaggtacca2820
ataacaatga agtctgtgtt tgatctgatc gatactttcc agtcccgaat caaagatatg2880
gagaaccaga agaggggggt tttttttgaa gggggaaaaa cgcccc 2927

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

tccgtggggc tttaaaaaat ggttggtgggt gtgtggggtt ttttgagggtg ggagaggatg 60
tgtgaaaatc ttttccaggg aaatgggttc gctgcagagg taaggatgtg ttcctgtatc120
gatctgcaga caccagaag gtgggtgcac actgcatgct tgggggtgcc aagggttcg180
agacctccaa catacttgtc tgaagctcgt gccgctggcc atggcccctc tgccaagcct240
gtgtgcatg cccttggtgc tttagtgcga gaagcctagg ctcaagaagca cagcagcgcc300
atctttccgt ttcagggtt gtgatgaagg ccaaggaaaa acatttatct ttactatttt360
acctacgtat aaagttttag ttcattgggt gtgcgaaaca ccctttttat cacttttaaa420
tttgcacttt atttttttcc ttccatgctt gttctctgga catttgggga tgtgagtgtt480
agagctgggt agagaggagt caggcgccct tcccaccgat ggtcctggcc tccacctgcc540
ctctcttccc tgctgatca ccgctttcca atttgccctt cagagaactt aagtaagga600
gagttgaaat tcacaggcca gggcacatct tttatttatt tcattatgtt ggccaacaga660
acttgattgt aaataataat aaagaaatct gttatatact tttcaaaatc caaaaaaag720
tagggagggt aagaaaaagg gcg

```

10

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1667 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

agagccaata gcatgggggt tacaaggcaa agatagtcac tcattcaaca catattcata 60
gagctccttc tctgtgccag acactgttct ggaagatagc tagatgaaaa tctttgcact 120
cacagagctt acatgccagt gagtgaagat cgatgataaa taaagcaaat gcatcatatg 180
ttcacatttg ataagtatat gccaaaaaat gaagccggga aggaggacaa ggcccatggg 240
tgggtgttga ggttttttaa gtgtggtcag gaaaggcccc actgataagg taacatttga 300
gcaagtctga aaaaggcaag gggatctttg gggctaactt cgggatccct gcactttatg 360
taagaatgta aacctggagt ctcatttaag aatgatcagc aatacgttta gaacatatga 420
actgaatgaa atggacattt tttcttaatt tacgtataaa tccatatgat tatacataaa 480
gttctgatgc attaataaaa gcagccaaat agggccaaag agaaaaataa caggactctg 540
tactggacct aactttatca ttaattagggt aatattttcc tcatttcttt actgctgcc 600

```

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

```

ttttcctcac cagtattcca gagatgggtca tagctcatta ctctaccacc aagaaacctaa 660
aaggaattag aatacagcag aattggcctc agtgaagagc tttaaattgt tctcctcgt 720
gaactggact attgatcatt accacgtgac gttggctcta ttactttctg ttcccaatgt 780
ccttctagtgt gtttgaaaaat gtaaaacat ccctaaaatc taaatcatat aatcagaatt 840
ctatagtgtc ccactctatc tgtaaagatc atttggaaga ctttagactc tattaatttt 900
aaaaggaata tttattagcc atatgcagaa tttctaataga tgatattgta cagcttctaa 960
ttcacttttc agatcagtgt ttgaaatggc aattatcagt gttggattta gttccaacta1020
cttgattttac aaaaatgtac atttagagaa gggttaaaga aacagtgaga aatgtaaaca1080
ttcaaaatga taattgaatc tctcagttgt ggggaataatt atcagagaca tgcaactga1140
aatgtctcac ctttcatctt tttttcttaa ttcataaagt tatctttagt aatttgatga1200
gacctccta gtcattctca actggggcgg tgctgtcacg gaatgggtgt tgagagtgt1260
ggggctaggg cacatttttg gttgtcacag caactggggg gccatttgct gccagtgcc1320
aggaatagta acattatgaa tgccaggggc agtgtgtctc gtaaagtctt ccatccaaa1380
ggggcagggc acgggtgtc acgctgttaa tcccagcact ttgggaggcc aagggtggcg1440
gatcacctga tgtcaggggg tgcagaccag cctggccaac atggtgaaac cctgttgcta1500
ctaaaaatac aaaaattggc tgggtgtggt gtcacatgcc agtaaccca gctactagg1560
agggtgaggc aggagaatca cttgaaccgg ggaggcagag gttgcagtga gctgagattg1620
caccactaca ctccagcctg gatgacagag tgagacttca tctcaaa 1667

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 249 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

cgtggtaggc acttcacag tgtttactga ttgaaacat tgttgactgt ggcttctatc 60
agagtgtcta ccttttacag ctctgacctt acctcattta atttgctgct tttaatctac120
gggggctgag aatttggtgaa accagtgttg ttagaagtgt atataatctg aatcaataag180
ctctgaatgg gggacaagaa acgctcttat agcacaagaa tgcattggact tcatgacagc240
tcttttgggt
249

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

25

```

aatggaaggt taattaccgg ggcccacott gagacggaaa aaaattggga aaacgaaact 60
aaaaatgggt ggggtgaatt tctacccaaa gtccagccgt ggtggctgca ctggcacaga 120
atactaaact gagtgtgact attttcaatg caacaaatga aaaaacaaaa tgtgctgtt 180
taaagcactc agtagagggc tgatgaaact aatTTTTTTT cctttaagac atgactctt 240
gagtcctaca gtaactgagt gtttgtttag acagcacaag aaggggtgag agtgcgctc 300
ctagccttaa tgtgggaggg tagtttcagt cactcatcgg ctttcattat tgtgcagaaa 360
tattagaaaa cctcattgat caattttatg tatttgaata tcagcaaatt gaaattttcc 420
ataattatca ttaatttga accacatcca gtgtcatgct tactccttag agttcagatg 480
aattctttaa attaaaaaaa aactccatag tactaatttt gtttctttat atagtttgcg 540
tttgatatta gtgcttgcaa ttgtattaaa gtcaaaaagct gatttttatg gcatacacia 600
gaatgccact tttctttta ttcatacca ataattttaa gattgatatg ctaaaaacaa 660
tttgacagc actaaagcat gagctacttt catctaaacc tgtaaaaata tgaaagattt 720
ttatatTTTT tcaactgggaa gaaattcttc ctggatgaaa ttacaaatat gtgtagaata 780
tatttaataa aagacttata aaatacctaa ctacaggact taaaatatag attggcgctg 840
agtatataga acaatatccc atataaataa gtttagcctt tataaaaatg aagttgcagg 900
ctgacattac attctgtact tactaagtgt caacagccct tacaaacatt aaatgtaaat 960
ggtttcaaat ggtcagcgtt gtttaaatgt aatcatgtta ttttattcat tgttaatgct 1020
ttgatgaaaa ggctttatat gcagtagatc tacgaaaata ttgttcatac tgatcagaat 1080
taaatttgta tagagcagag ttttaaaatg aatgtaata gcactaaacg ttttctttct 1140
gcaacctgta cttacagatt cttcctgtaa actaaataaa aaaaaaatga tagtgcaaaa 1200
aaaaaaaaa aaaaaaagag acggagagag gagaaagagg gcgtgg 1246

```

30

35

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 215 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

gggaagcatt ttggatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tcccaagagg 60
tgctgtatatt ttaagaaatg gagtttatatt aaataatagt taagcttggtg cccatgttgg120
ccgggcaact tttttcaatg gtgcttatta gaagaagtgt tttcatctgg tcaatttaag180
gaaataaaac taggaaatgg agaggggggg agaga                                215

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 734 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gctgccgggg gectgggggt cggcgctcggg ccccggggga tgtggagagc tggcagcatg 60
tcggccgagc tgggagtcgg gtgcgcattg cgggcgggtga acgagcgctg gcagcaggct120
gtggcgcggc ggccgcggga tctcccagcc atccagcccc ggctagtggc ggtcagcaaa180
accaaacctg cagacatggt gatcgaggcc tatggacatg ggcagcgcac ttttggcgag240
aactacgttc aggaactgct agaaaaagca tcaaatacca aaattctgtc tttgtgtcct300
gagatcaaat ggcacttcat tggccacctc cagaaacaaa atgtcaacaa attgatggct360
gtccccaatc tcttcattgt ggaaacagtg gattctgtga agttggcaga caaagtgaac420
agttcctggc agagaaaagg ttctcctgaa aggttaaagg ttatggtcca gattaacacc480
agcggagaag agagtaaaca tggccttcca ccttcagaga ccatagccat cgtggagcac540
ataaacgcca agtgtcctaa cctggagttt gtggggctga tgaccatagg aagctttggg600
catgatctta gtcaaggacc aaatccagac ttccagctgt tattgtcgct cccggaagag660
actgtggtaa aaagctgaac atccctgctg aacaggttga gctgatcatg ggcattgtccg720
tctgtaaact gcaa                                734

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 314 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

gctgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgctggt cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagagct agaccagcac tggccctcc agccccctgg tagcctctgc120
tgcaactgaa ctggcagctt ttgccgctgc ctttagctct gcatgtatgc gccctgaagg180
ttctgcctct ctgttttga atcgccctcc cctcctcatg tttggggacc tgcaaggggtg240
tgaggcacgt gagggcatcg ccatgcgtat tttacaggcc tctttctctg gactgtcttc300
aaagggatga cttt                                     314

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1839 Basenpaare 45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: 65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

gcgggacgagg gcggagcaac agagcggccg ggagtaaggc ggagtgaagag gaggagcttg 60
atggaagcgt gcgagaagg gcgtaactga tttggaaacc agaggaaagg cgctgttttc 120
accgaattag aatcgcgagg aaatagagaa gagtttgttt gaaggctctg cgagatcgag 180
tgagtacggc tcgccaagtt ggagcgctct cgcgatagac acagcaacta ttcagctgcg 240
aggggacggg agaggtggtg agcactctcg cgagatttga aggagcggcg gaggccagag 300
ggaggagagg accggaagtc cttcatctca agcatccaat gctgaaacgg gcctgatttt 360
ctctaccgga agcccttttc cagaggctgg gaacacggcc cactagcag gaagcccac 420
ctccttgagc tccgccaccc tccccgaagt tttctgtca cctgtgttag gctccgtccc 480
ctttccgctg tttatccccg taccagaaaa ggatacattt agtgcctccc acccagctcc 540
actaaacggc cttcccgctt cctgtggttg tggccgctgt gctgtgggga gcggcccga 600
cccgggggct cattcgagcg acctcggacc acaatgccag catggacttt gcagaccttc 660
cagctctgtt tggggctacc ttgagccagg agggcctcca ggggttcttt gtggaggtct 720
accagacaa tgctgcagc cccattgccc caccaccccc agccccggtc aatgggtcag 780
tctttattgc gctgcttcca agattcgact gcaactttga cctcaaggtc ctaaatgccc 840
agaaggctgg atatggtgcc gctgtagtac acaatgtgaa ttccaatgaa cttctgaaca 900
tggtgtggaa tagtgaggaa atccagcagc agatctggat ccgctctgta tttattgggg 960
agagaagctc cgagtacctg cgtgccctct ttgtctacga gaagggggct cgggtgcttc 1020
tggttcacga caataccttc ccttggggct attacctcat ccctttcaca gggattgtgg 1080
gactgctggt tttggccatg ggagcagtaa tgatagctcg ttgtatccag caccggaac 1140
ggctccagcg gaatcgactt accaaagagc aactgaaaca gattcctaca catgactatc 1200
agaagggaga ccagtatgat gtctgtgcca tttgcctgga tgaatatgag gatggggaca 1260
agctgcgggt actccctgt gctcatgcct accacagccg ctgctgggac ccctggctca 1320
ctcagacccg gaagacctgc cccatttgca agcagcctgt tcatcggggg cctggggacg 1380
aagaccaaga ggaagaaact caagggcaag agggagggtg tgaaggggag ccaagggacc 1440
accctgcctc agaaaggacc ccacttttgg gttctagccc cactcttccc acctcctttg 1500
gttccttagc ccagctccc cttgtttttc ctgggccttc aacagatccc ccaactgtccc 1560
ctccctcttc cctgttatc ctggtctaata aacccccac acatacacct ctggtgacct 1620
atttgcacag accgtcgtct tccctccagt cttctgaggg ataggggaca ttccatccca 1680
agcttctccc ttaccacac ctatcctttt gaggggcttt ggggtggggc tggggcaagc 1740
agagggactg ggtcttcaact tcttgggcta ataaaattgt ttctttgtgg actaaaaaaa 1800
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1839

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1931 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

cagccgcgcg ccatccctct ttgtgtgctt tggaaagccg cggagctggt ggtggctaca 60
 gttggtgttg ggggcttagg cgagggaagt taccgggaag ttgcaggcgg gaggactctt 120
 ccccatccag tcacctgaca ggtcacaac atgtcagaca aaagtgaatt aaaggctgag 180
 ttggaacgta agaagcagcg actggcccaa atcagagagg aaaagaagag aaaagaagaa 240
 gaaaggaaaa aaaaagaac agaccagaag aaggaaagctg ttgtcctgt gcaagaagaa 300
 tcagatcttg aaaaaaaag gagagaagct gaagcattgc ttcaaagcat ggggctaact 360
 ccagaatccc ccattgtccc tcctcctatg tctccatcct ccaaactctg gagcactcca 420
 agtgaagctg gaagccaaga ctctggagat ggccgctgg gatctagacg aggacctatt 480
 aaacttgga tggctaaaat cacgcaagtc gactttctc ctcgagaaat tgtcacgtat 540
 acaaggaaaa ctccagactcc agttatggct caacccaaag aagatgaaga ggaagatgat 600
 gatgtagtgg ctctaaacc acctattgaa cctgaagaag agaaaacttt aaagaaagat 660
 gaggaataag atagttaaag tccccctcat gagctgactg aagaagaaaa gcaacaaatc 720
 ttgactctg aggaattttt aagtttcttt gaccattcta caagaattgt agaaagagct 780
 cttctgagc agattaacat cttctttgac tatagtggga gagatttga agacaaagaa 840
 ggagagattc aagcaggtgc taaactgtca ttaaactgac aattttttga cgaacgttgg 900
 tcaaagcatc ggggtggttag ttgtttggt tggatcatctc agtatccgga gttactcgtg 960
 gcttctata acaacaatga agatgcccc catgagcctg atggtgtggc ccttgatgg1020
 aatatgaaat acaaaaaaac taccacagag tatgtgtttc actgccagtc agctgtgatg1080
 tctgccacat ttgcaaaatt tcatccaaat cttgttgttg gtgtacata ttcaggccaal140
 attgtgcttt gggataaccg tagcaataaa agaactccag tgcaagaac tccactgtca1200
 gcagctgcac acacacaccc tgtatatgtt gtaaatgttg ttggaacaca aaatgctcac1260
 aatctgatta gcatctctac tgatggaaaa atttgttcat ggagtctgga catgctttcc1320
 catccacagg atagatgga gtgtgttcat aaacagtcaa aagcagtagc tgtgacatct1380
 atgtccttcc ctgttggaga tgtcaacaac tttgttgttg ggagtgaaga aggttctgtg1440
 tacacagcat gccgccatgg cagcaaagct ggaatcagtg agatgtttga ggggcatcaa1500
 ggaccaatca ctggcatcca ttgtcatgca gctgttggag cagtagactt ctcacatctt1560
 tttgtcactt catcgtttga ctggacagta aagctttgga caactaagaa taacaagcct1620
 ttgtattcat ttgaagataa tgcagactat gtttatgatg ttatgtggtc acctaccac1680
 ccagccctgt ttgctgtgt ggatggcatg gggagattgg atttgtgaa tctcaataat1740
 gacacagagg taccaactgc cagcatcttct gtggagggtg atcctgctct taatcgtgtg1800
 agatggaccc attctggaag gggaggtggt tgtggcggga ttctgaagga caagttttgt1860
 tttttgcca tgttgggagg agcagtttgt tggcccccc aatgatggat tggcgacggt1920
 tggccccgacc c 1931

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 294 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

agttaccatt gccttttctg tctcgtgccg gttttggttt gctgaaacta gtccaaaaca 60
ggaaatttaa cagacagcca cagccaaaga gtgtcatgtg aattacaaga aatagagccc120
atthagggaa agatagaact agaaaggctt ttcatataa ttccatgttg aacaattgag180
tcatagcttc ttatcttggg ggaaggacac aattcaaagg ggcagtaagg attttgtaaa240
acgtggcatc cataatttac tatggagcaa gtgccacat ctctaggaca ttaa 294

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

tttttttttc tcattaacaa agcagtcaat tccctttatt tttaaaattt tatgtacaca 60
tatgaatgat ctgtataatg tacattcaat atagaaagct ttatatattt gatagtgtat120
agaacatttc acaattacac tcatctttta cataacatct tgacatccat ttttaaattt180
ttttgcacaa gtccttttct attcaatttg gtaaagccag ttatacatat taatgtgtac240
tgtgagcttt cagaaggtta atgattgagg atgccagtga aggggtgcagg gacaaaacct300
aatagtcttg gatggtgggg ggaggatggc cagcgagact tgatgcagga gaggggaaata360
ttcttttctg gggaaaagtg acttagccca atttttgttg actgtagctc aaccctacag420
tcatgctagt tcaaaaaaaaa aattacaaaa actaggaaga aagttttgtc tttttgattc480
acagttttgt aaacagatat aaaggaacaa atgtgcttac atacaccaag aaaaaaaaaa540
ttcttggtga cccacttatg ttgatccaca gagtgccttc ttataatgtg atacaattag600
gatcactgac tttttttcct aaaaatatat ttatagaaaa aggaataaca ctgtcatgaa660
accaggagaa aggcagtaag agtttgcttc aacgtatcag ctggagggaat gtggacttgg720
cactggcctt tcagcgttta ttgtctctcg tgaatatttc aagtctgata gccagggtcg780
cctgcctcat ggtctacagg aggtggcagg ttagacatga ctgatgtaga tgtactgcgg840
taaggtagcc agcaactcca ggtcctgctt cagagagcta ca 882

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 179 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

30

```
ctttttccta gtgttatgga aagcaaatat acaatgattt taagtaggct tctggaatag 60
aaacag:ggg ttgaagacc cactgccacc ttgatggact ggcccccttg agtctgaatc120
cccgggcggt gtgacctggg acccaaccgg tagctgggcc aactccagtg aattcacc 179
```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 238 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

65

DE 198 18 620 A 1

gggaagcatt ttggatatga tgcaggaaat gtgttacggg ggtcaaaaagt tcccaagagg 60
 tcctgtatatt ttaagaaatg gaattttattt aaataatatt taaagcttgt gcccatgttg120
 ggccgggcaac ttttttcaat ggtgcttatt aggagaagtt ttttcatctt gtcattttaag180
 5 gaaataaaaag tggaaattga atatgggtgg catgttgtac ccgttttagtc tcttatgt 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 934 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

ctcgcgcggg acacagggag cagcgagcac gcgtttcccg caacccgata ccatcggaca 60
 ggattttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgtatt tagatgaaag120
 agctattgaa gcttttaaaag aattcaatga agacggtgca ttggcagttc ttcaacagtt180
 taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa240
 gacttacagg cagagagaaa aacaagggac caaagtagca gattctagta aaggaccaga300
 tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg360
 acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt420
 45 tggcactgag atattttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttagaggatg aacttgttcc480
 attattttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg540
 tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt600
 taaactgtat aataatcatg aaattcgctt tggaaaacat attggtgtct gcactctcagt660
 50 tgccaacaat aggttttttg tgggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct720
 tgaagaattt agcaaagtaa cagaggggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga780
 tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc840
 ccaggcaagg cgtagggttaa ttgagtggta aagtcaaggt ctggggggaa tgttggaaact900
 gtttgaattg ggggtgttcc gcttaggaag gttc 934

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 231 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

DE 198 18 620 A 1

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```
ctcgtgccgg tcaattatga gttcctttat ttattggtga gaaagattag caagtatgac 60
gtatgcaagg aatagaagtt atgtaccgag tgggttaaagg ttggggggat atggagatgg120
atgagaggga gctgtctggg aaggctttgc ttcacttgga ttagagtagg gttgcgtgag180
gaaatagggtg tgtagaatga gaatgagggt catgacagcc tcctacaaaa c 231
```

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 669 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
aggaattcgt taaatgcctg aagaagccct tcggggaatc ccaaaccct gaacatttgg 60
aatgagcccc cagatagcaa tatccgaatg caaagcctac tggccttcca ccagagacaa120
cccatattatg atttgccgtg toctgtaaga gtgcggattc ctttcctatc aactgcctga180
tatcatcttc aggaagcaag tcccataaca tgacatatct ggattttgtg ccttagaacc240
ttaaattgga agcattctta attatgcac taaatttaaa agaagataat ttcaaaacag300
```

60

65

DE 198 18 620 A 1

tgcctttcttt ccccttggtt catcattttc atatcttaaa ccaaat+act tccgtatctg360
 acaacagcat catctacctc agtcattagg atctcttaast aaaaaagaga ttgtattttt420
 gacttggtta ttaagattat taaaattagc ccttcctttg aaatatgaca tcagctttgc480
 5 tgttctaaat ttaaaattag ttgcttcac cagaccacac ttccagtttc tataccaagc540
 cagtctctc agttttccca ttagaatgga caggttctgt tcagcgtgtc atttctgtaa600
 tgcttcacgc agagagtttg gtcatagtat taaagagaaa atacagtgc gtcacaatgt660
 ctccagagc 669

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 240 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

cgatcacgtt ttcacatgat gctcacgctc agggcgcttc aattatccct cccacaaaag 60
 ataggtggcg cgtgtttcag ggtctctcgt ctctctccta cagaaaagaa aaagaaaaaa120
 atgtcattag aagaggcgta acacgtcagt ccgtccccag gtttggtgtt cctggagtgg180
 45 ccgaaagaga tcagttctaa cctgctctgc aggaataacg gtcctgcctc ccgacactct240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 228 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

10

```

agagcagatc agaggcaggg ggaaaagcac gcagagggag gagctgaaga gctgagaccc 60
ggagccaggg acagcttaat gaagacaaac tgaaggggaa actgagatgc ttagaaagcc120
cagctataca actctaccca gaaatacttc ccttagggaa tgtaaaaagt actactggag180
atggaagagc agaaaaacag ctatgggcag aaggccaagg ggtgatag 228

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1229 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

aaaaaaaaa aaaaaagagt taatctagga gataatgaat ggccctagtag tagataatat 60
atggcccccac aagctcttga cttctgtcct tggggaaagc cattttgtta accacactag 120
tgagattttac atgatgctta atggagaaca gagaagatct tgttgcaaaa ggtgtattaa 180
atattttgtgc tgtttctgta tgagattgag aagcttttcc cacctctcac cctatttcc 240
tataaggata tccagagaag ccaaactgtt ctgtgggttt gggaatggtc atttcccg 300
aaaatgcac tggatcgatg actaaacctg gcccttttct ctgggctgta gtgaagccgc 360
attttcacgc tggctggcag tgtgctgaga gccctgaatg ctctgcggcg tagtgccctt 420
ctgccctgcc tgacgatgta tcgaaaagat gagagtgaag gagactttgt gcagcaggaa 480
acgggtagggt gaggtgttgg gcagttgtgg gaacttctga gattattaca gattggtaga 540
atcggtgaaga actctgattt ggacttcgct ttggtggaac tgtgtgccta tacctgcctg 600
tgtgtgtgca agtgtgcagg ttcttttgta tgtatgtgta cgtgtgggaa cctgtgtttg 660
tcataattttt cttcatttca caaaggcttt ttttgaagca gtggcagtat gcctttgttt 720
caagaacaca tgaaattctt ttaacaccag attagtgtgt taccocaaat gaacggttct 780
agccctctat taagaaataa agggaccata agcatttttg ctgcttatgg ctgtgtgtta 840
ctacttacaag gagtcttgaa aattatacag aactttgcct tcttttttta atgtcttcca 900
caatgttgtg actgattata accctgtttc ccctcagaga agagctatgg ctgaggatc 960

```

50

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

tgtgttgact ctggcattta gtggctttgt gaaggaaaga aaacattaaa tgacctgaca1020
 aaaactgact catgtcttta aagtagttga agccactttt aggaatgtta ctctcgggtt1080
 cttttgtcta attctaattg gctttaaagcc aagaaaacca tagtataaat cttttttgtg1140
 taccctatgg ctagtgtttt aaatgggcag ttccgttgtg gataaagtat ccagtcactt1200
 caggtttccg tggaagggtt ttattgggg 1229

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 750 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

gtgagggaca gatggacaga atgcagaggt acatagatga gctgaggctg atccagctcc 60
 cctgaaattc agagtgttaa ctttgtagac cctgcacaat ctcttggtgc tatctagcca120
 ttaccccat ttttttttta aaggccatct gaaattccat ttgtcatggg gggaagcatt180
 ttggatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tccaagagg tcctgtattt240
 ttaagaaatg gaatttatlt aaataatatt taagcttgtg cccatgttgg ccgggcaact300
 tttttcaatg gtgcttatta gaagaagttt ttcatcttg tcattttaag aaaataaaac360
 tggaaattga atatgggtgg catgattgta cccttttagt tctcttattt ttctactcct420
 ctgtccctct ataactatgc catactatta gatgctggtc cactgaatgc tgagatgata480
 tgttttttgg ggtttttttt ttttaagaaa tattttctact ggttttctgt gactctctaa540
 acacttcacg gaaactagga agactgaatt atgagggaaa ctatttgga ttagtgcca600
 gaaacgatga aatcttatag atcttttgac agtttctctg ttttagggga gcctaggact660
 gatatccaag tttcttccat atccaagctt cattggggga ccccatattg gctttaacag720
 gtgaccggc cctctttacc gggttccag 750

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
gaggccggga gtggaaccgc ctcttttgag aaggttgcc gactcagaga cacagaaacg 60
gggtccagga tggggagaga tgtggagtga ggaaggttt gcatttgaga aaggaagttc120
gagaacacac tgggacattg taacacattt gaaccatctt ctgatagaaa ggtgttggcc180
tcctaataat gggagggtcag ggccagggtc tcgggcatag ggagagggtc c 231
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
tttggcatca tttaacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
ggatatttggg attctaattg ttaacccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttaa 120
aaccatttta gccttttact tatactctgt agaattccag tgatcatcct aataaggat 180
atttcagaat aatttttttt tcttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240
taggagcagt gtgaaatttc cgtaaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgcta agtccctaag 360
agattacatg ctagggttgc agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
```

DE 198 18 620 A 1

```

cttcaactat ccacataagc taggctttcc gcttttggca cggacagtgt gaccaagata 480
tttcagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcc cttctcttct taugctcag 540
gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgcctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
5 aaaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtggtgacc ccataatttt ctgaggttct 660
tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaattc agaaaacagg tcttgccctt 720
agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
cctccctgcc acccateaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900
10 ctgcagtcctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
ttgccttcac agagtccctc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttggagta1020
gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttgggcat agtggctcat gcctgtaatc1080
tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagttc caaaccatcc1140
tgggcaacag agggagaccc tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttaaaa1200
15 aaacaattag ctggacctgg tggcgacacac tcagtaggct gaggtgaaag gattccttta1260
acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga1320
aaaagtggaa ccctatcaca                                     1340

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 226 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52

```

gccagatttc cgggggttttg cgggccccgc gatgttttcc agaggttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caaggtgaaa atgccccgtg cgggggcgtc cagcggagtc ctgccagctg120
tccggcggtg ggggtggacgt ctgatttatg aaggtgcca tccacctatc tgagtacctg180
acttgtgagg actgacaact acagcatcag gtacaaagtt gttctt 226

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 611 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```
gcagctgcag cggcagcagc ggcagcagag gcagcagcag tagccaccac tccgccgagg 60
ccgcaacccc ggctcggcct cccpaggccc cgcgcgtgcc gcagtcattg ctgctgatgg120
ggtggacgaa cgctcgcctc tgetgtcagc atcccactcc ggaaatgtca ctcccaccgc180
cccaccgtac ttgcaagaaa gcagccccag agcggagtcc cactccata tacagccatt240
gccagtcacag acgccagtgg tattccagta ataaactgcc gtgtgtgccca atcactaatc300
aatttgatg gcaagcttca ccagcatgtg gtttaagtga cagtttgcaa tgaagctacg360
ccaatcaaaa acccccacaac aggcaagaaa tatgttagat gcccttgtaa ttgtcttctc420
atttgtaagg acacatctcg gcgaatagga tgcccaagac ccaactgtag acggataatt480
aaccttgcc cagtaatgct tatttctgaa ggaacaacca gctcagcctg cattgcccac540
tcccaccag aagggtacaa gggtcgtgtg ttggggcacg gttggggaac acattccctt600
tgggatggga c 611
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```
gccgaccgga cgcagggggc tggcggaac gtgaagctcc gcggtgcctg atggggccgt 60
```

DE 198 18 620 A 1

```

tggggcgccg gtagctgttg ctgttggggg acccctcat tccctgccgt gccgtccctg120
ctgcctcatg gcggccatcg gagttcacct gggctgcacc ccagcctgtg tggcgtctata190
taaggatggc cgggctggtg tggttgcaaa tgatgccggt gaccgagtta ctccagctgt240
5 tgttgcttac tcagaaaatg aagagattgt tggattggca gcaaaacaaa gtagaataag300
aaatatttca aatacagtaa tgaaagtaa gcagatcctg ggcagaagct ccagtgatcc360
acaagctcag aaatacatcg cggaaagtaa atgttttagtc attgaaaaaa atgggaaatt420
acgatatgaa atagatactg gagaagaaac aaaatttgtt aaccagaag atgttgccag480
actgatattt agtaaaatga aagaaacggc acattctgta ttgggctcag atgcaaatga540
10 tgtagtattt actgtcccgt ttgattttgg agaaaagcaa aaaaatgctc ttggagaagc600
agctagagct gctggattta atgttttggc attaatcac gaaccgtctg cagctcttct660
tgcttatgga gttggacaag actccccta 689

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 560 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

agaaaatgga cgctgacatc aatgtcacia aagcggatgt tgaaaaggcc cgacaacaag 60
ctcaaatacg tcaccaaattg gcagaggaca gcaaagcaga ttactcatcc attctccaga120
aattcaacca tgagcagcat gaattattacc atactcacat ccccaacatc ttccagaaaa180
tacaagagag cggaggaaag gaggattgtg agaattgggag agtccatgaa gacatatgca240
gaggttgatc ggcaggatgat cccaatcatt gggaaagtgc ttgatggaat agtaaaagca300
gccgaatcaa ttgatcagaa aatgatttca cagctggtaa tagaagctta taaatcaggg360
tttgagcctc ctggagacat tgaatttgag gattacactc agccaatgaa gcgcactgtg420
tcagataaca gcctttcaaa ttccagagga gaaggcaaac cagacctcaa atttggtggc480
55 aaatccaaag gaaagttatg gcggttcac aaaaaaata agcttatgtc ccttttaacg540
gggggccccat tcagcttcag 560

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

gaagaagagt aagaaggaca agaaggccaa agctgggtctg gagagcgggg ccgagcctgg 60
agatggggac agtgatacca ccagcaaaag aggtagaatt ggtttctgag tagtgaaggc120
cacttgaagc tggaggagaa actaaagcct tattgagaaa acatgttata gatccttttg180
ttgctgagag agtggaaacat aggtcctaga caggggtgaag agttctggca catttttagct240
gctactttga gacctcggtg atgttacctg gtgtgggtcat cccatcttgt cctgttttaa300
ggatatgggt ggtgaaagat gaaagaggca gagtttatcc caatgacttc tctgtttgag360
ttgggaagcc tcaccttcag acccagtaac tgtccgcagc tgtctgctag tggttgtctt420
aacatcgtag tcctagtgtt cattttttaa atcccctctg tttaaaagg tttgtaaaaca480
aaaacaaaaa actaagtctg ctcaagttaa tgctgtagaa ccctaaataa gtggtagaag540
agtgtcactg aattttgtct ctgaattcag tataactgag ttttgtccat gctgggtgtct600
gggttatagg cctgatgggc ctggtagttt tccatcttgt tctggcctag aggtcagtc660
tttgcacttc ctcaaagctt gtgtacagtg ctcacctaaa tccatctgac tacttgttcc720
tgtgccctct tgttttaggc ctggtttact tttaaaaaat gaaattgttc attgctggga780
gaagaatgtt gtaattttta cttattaaag tcaacttggt aagtttttaa aaaaaaaaaa840
aaaaaaaaaa a                                     851

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1354 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57

```

5      cttaccaaca gcctttctgc taagtctctgt tttttggata tttatgactt ggttcatctt 60
      attttttctt gatttagcag gagccctttt ctatttcagt ttcattttca gcatagtagc 120
10     ctttctatac tttttctata agacttgggc aactgatcca ggcttcacta aggcttctga 180
      agaagaaaag aaagtgaata tcatcacctt tgcagaaact ggctctctgg acttcagaac 240
      attttgtaca tcatgtctta taaggaagcc attaaggcca ctccactgcc atgtatgcaa 300
      ctgctgtgtg gctcgatatg atcaacactg cctgtggact ggacgggtga taggttttgg 360
15     caaccatcac tattacatat tcttcttgtt tttcctttcc atgggtatgt gctggattat 420
      atatggatct ttcattctat tgtccagcca ttgtgccaca acattcaaag aagatggatt 480
      atggacttac ctcaatcaga ttgtggcctg ttccccttgg gttttatata tcttgatgct 540
      agcaactttc cattttctcat ggtcaacatt tttattatta aatcaactct ttcagattgc 600
      ctttctgggc ctgacctccc atgagagaat cagcctgcag aagcagagca agcatatgaa 660
20     acagacgttg tccctcagga agacaccata caatcttggg ttcatgcaga acctggcaga 720
      tttctttcag tgtggctgct ttggcttggg gaagccctgt gtggtagatt ggacatcaca 780
      gtacaccatg gtctttcacc cagccaggga gaaggttctt cgctcagtat gaagaaaagc 840
      aacccaaaac tctcaatctg atttgttttt gtttatgtcg atgccctgta gtttgaaagt 900
      gaagtaaaaga tttagaattc acctaaagtc aaaggaaaac acgtgggttt taaagccatt 960
25     aggtaaaaaa agttctcaat aaaggcatta caatttttta ggtttagaaa gatggacttt1020
      tctgataaat cttggcagac atctaaaaaa aaaaccatat ttttcacaag aaaatgcaag1080
      ttactttttt tggaaaataa actcactgat tatggataaa atggaatatt ttcagatact1140
      atattggctg tttcaaaaata gtactattct ttaaaactgt aatttttgcg aagttatttg1200
      tctttgttgt atctataaat atgtaaaaaa tatttaaata gatgtacctg ttttgctttc1260
30     acacttaata aaaaattttt ttttgtaaaa ggaaaaaaa aagaagagga aaaagaagag1320
      aaaggagagg ggaagaaaga ggagaaggca agga
      1354

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 268 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

65     cgtgatctct cctcagtaaa accaagggtg atttttcttg acccacctat cttgggggtg 60
      attaggagta gaggggttga aatacttaaa atttttttcc tttctgatat aattattgat120
      ctccttctag aagtcctgtc gtcttfgctg gagaattttt atttaagcat cctttttag180
      aagaatctct aatgtccttt tttcatccag atctacactt gatgaatcct aaagctattt240
      ctacacagtt ccttttatca gttttccc
      268

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 752 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59 30

```

tgacaaaaga aatggaataa tttcaaaaaa gttaagtcct gagaagacaa ccctgaaatc 60
tattttgaaa agaaaaggca ccagtgatat cagtgatgaa tctgatgaca ttgaaatttc120
ttccaagtca agagtaagaa agagagctag ttcattgagg tttaagagaa taaaagaaac180
caaaaaagaa cttcacaatt ctccaaaac aatgaacaaa acaaaccaag tgtatgcagc240
aatgaggat cataactctc agtttattga tgattattoa tcctcagatg agagtttatc300
cgtcagccac ttcagtttct ctaaacagag ccacagacca agaactataa gagacagaac360
tagtttttct tcaaaattgc ctagccataa taagaaaaat agcactttta ttccaagaaa420
accaatgaaa tgttcaaattg aggaaagtgg ttaatacaaga gcagtcgtat gaatcaatgg480
ataaattttt agatggcgtt caggaagtgg cttatattca ctcaaaccag aatgtaattg540
gatcgagcaa agctgaaaat cacatgagcc gatgggcagc acatgacgta tttgagttga600
agcagttttc acagctgaca gctaacatag ctgtttgcag ttctaagaca tataaagaaa660
aagtggatgc agatacattg ccacacacaa agaaaggcca gcaaccgagt gaaggcagca720
tttcacttcc tctttacatt tcaaactcctg ta 752

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 50

(A) LÄNGE: 1389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 60

65

DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

gaactccaag ttagtggatt gcagaatgga aacttggcct ttgcggcact gggtagagttt 60
tagtttgtgt gtgtcttgct ggggggtggt gatgattgtc tcagcactca cgcactgcac 120
aagaaggcag caggatacag cactgcacaa gatggcagct cctctgcagc ttctctctca 180
gcctccctcc ttgcaccccc acagggttgg cttgtggttt ttgtcatcag taacctactg 240
cctgagatca tgatctctta aaagatgaga ctctcggaag ggttgattgt atgcgtcagt 300
gagccttcta tcaccttctg gaacaaagtc acttgaaatc tcttgatgag attaaggagt 360
ttagtqttac taagaaaatc tgctttgggc cgcagcagtg ctgggtgttc tcagacctga 420
ctgaggaagt tagctgcggg ctgccctgtg ggctgggtgt tcaggaggaa tccagagaag 480
tgttcagatg ccccccttgg gctcctttct aattttaatc agctctttaa atagctgccc 540
atctcctgtg attgcacaac caagcacttt gacatttgca ccttaggaga ggcagatggt 600
aaaaatggaat ccaaaagacca cctagggcgg ggctgggtgg gagatgggag ggccaactgc 660
gagctgctcc acttctcagc tctcccttgc cctgcagccc tgggccagac aaggccagaa 720
ggtttcaggg gcatttgaca tcccctcctg gttctcacca ggaaaacatc caaagctttg 780
gaggaaacag gccctgcccc tggctcctta aatgcccggt ctctttgtaa actgatattc 840
agccagcaat gcctaagact ttgttaagat catttctact gcttttcttt ctgcttcaaa 900
cacacagttc gtctctgagg aaagttaaata aaatggaata agagtaaatt gggttaaggag 960
atatccaaag ctaccagtc ccttgaccca gcacagttgg ccgacccgtg tcaactccctg1020
gctgtcgtg cttctctgtg ctactgaag ggtgagccag gccagtgttt cccagcccc1080
tgggcctggt cactacacag tggaaaacag acaagcggcc ccttcccaa atcccaagag1140
tgtcttgcgt cttggtgggt gctcatcgca atgttctgaa ggctccaggg ccactttgtt1200
tgtaaglatg atctgggcct caaaatacca tagtagctgc ttgataaaat tctaaaaata1260
tcgggttctc tattatgtaa acactattac agtcaccagt gtgtgaagac tcttgagtct1320
ggctctcata tcagagtcac catttttctt cctgtggaat aaaatgcctt gtggacttcc1380
caaaaaaa
1389

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 726 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

cgtatctgtc cggacggaag caggaagcgg gagcgtagg gccacgcctg cggcgctgct 60
gggtgaggct gtgtgggtgg gggacgggcc gaggcgatgg cggagaagtt tgaccacctal20
gaggagcacc tggagaagtt cgtggagaac attcggcagc tcggcatcat cgtcagtgcac180
ttccagccca gcagccaggc cgggctcaac caaaagctga attttattgt taçtggtta240
caggatattg acaagtgcag acagcagctt catgatatta ctgtaccgtt agaagttttt300
gaatatatag atcaagggtcg aaatccccag ctctacacca aagagtgcct ggagagggt360
ctagctaaaa atgagcaagt taaaggcaag atcgacacca tgaagaaatt taaaagcctg420
ttgattcaag aactttctaa agtatttccg gaagacatgg ctaagtatcg aagcatccgg480
ggggaggatc accgccttc ttaaccagct caccctccct gtgtgaagat cccctgggac540
tgcatgagg cgtgaggtcg ggactgcgag tgctgacgcc accttccctgc tgagggtgga600
ctgggcccctg gacacacccc tcagcccctc tgtcctcatt gtttgccctc atgggaccga660
ggggctggag gagaggcgga gtgtgcccga ggggttcaaga ggttggttg ggtgaaatgg720
gtttgt

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 681 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```

ggctgagaaa aatgggggga gacataacac ccacgaatga aaatacagat ttaagagaag 60
gaaccagtaa agtaggagac agatgtgaag gaaatggaaa tgaggcaaga ggacattgga120
agagagaagt ttgctgtcca ggagccaggt ctggagcatc agtgtgagg agttcaggta180
ggctgggcct gtgctcttag gtaggacaa gggaggctgg gtgaccagg ctggtgctta240
aaaccctga ggccatgagc tcattggctg cctttgtagc atcctgtctt cttctgtgct300
gcttggtttg atctcatctc acctggattc aaagggttaag gtgggcatgg gtcttgggcc360
tgacacccac caaggatgac ctgtggactg ccatcgatg ctgaacagg agatgaaagg420
aggctctctt accatacccc tctgccaaac cccagtagg ccactgttct gactttgttt480
ccagaatata cagaaatcca aaggggctgt tgctgaacag tctgcaggac cagtgcagc540
acctacctgt tgtcccaagg catacaaagg aggcctcaac gctcatgctt ctctaataa600
gccctaccaa gacagacaga aaaggaagg gttagaggag aggttgagc tjtggagtta660
gactctgctt cattcctgaa g

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1116 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

gggccacact gagcagattc tttggtagaa ttttcaactt gagactaaca caagtatttc 60
cttttctgtt cagttctcca aatgacaaga agtctttttg ctcaattgaa ggggaatgga 120
atggtgtgat gtatgcaaaa tatgcaacag gggaaaatac agtctttgta gataccaaga 180
agttgcctat aatcaagaag aaagtgagga agttggaaga tcagaacgag tatgaatccc 240
gcagcctttg gaaggatgtc actttcaact taaaaatcag agacattgat gcagcaactg 300
aagcaaagca caggcttgaa gaaagacaaa gagcagaagc ccgagaaagg aaggagaagg 360
aaattcagtg ggagacaagg ttatttcatg aagatggaga atgctgggtt tatgatgaac 420
cattactgaa acgtcttggt gctgccaagc attaggttgg aagatgcaa gtttatacct 480
gatgatcagg gcagtaggca taattcagca acaaacaatc ttcctttggg agaaacctgt 540
tcattccaat cttctaatta cagtgggttc tatctcaggg atactggact ttctgacgca 600
gatgaacaat taaggggaaa agcttccctt ttccctctgt ggcagttacg attttgactt 660
cagtcctgag aaaaacttca ggttttgaaa atcagatgat gtcttctcct tttccaaaca 720
ccacacgttg aaagcattta taaatccaag tctgaaactc tgcgctctag tactgctgtt 780
aagatacaca acttgtttct tagttcatat aatctcgggg acacacatac gtatacacac 840
acatacatat atataaatat acctgatgcc agattttttt cataaatatt ctgcctactg 900
taaatatggg ttcctctgag ttgttttaga aaattagcgc aatgtattaa aatcaagtgt 960
taggaaattt catggtctta cctacaataa cttttatitt ggaattgaac tattattaaa1020
ttgtatctaa tcctggaata cagtttaatt aattattctt agtgcttaag gcttcataaa1080
gtaatttttc caaccttttt tttaaaaaaa aaaaaa 1116

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 226 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

| | |
|--|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | 5 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | |
| (vi) HERKUNFT: | 10 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| (C) ORGAN: | |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: | 15 |
| (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64 | 20 |
| aacagttggg aggttcttag ctcttttttag ggtcttaaca aagggttttg ttttagtttt 60 agaccgaggt ctataacttt ttctgtgaca ggcaaggtag taaataggta agggtttgca120 ggccagacca tctctggtgt gatgactgca ctctaccgtt gtaaaaggaa agcagccata180 ggccaatatg taaacaaatg agcaagggtg tgtgccggtg aaactt 226 | 25 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65: | 30 |
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: | |
| (A) LÄNGE: 806 Basenpaare | |
| (B) TYP: Nukleinsäure | 35 |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 40 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN | |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN | 45 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 50 |
| (C) ORGAN: | |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT: | |
| (A) BIBLIOTHEK: cDNA library | 55 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65 | |
| tccaagggct ctttagtcct tcttaagccc cacagtactt tccgtagtc ctgaggettg 60 ggacctcctg gggttcttac ctccctccc cattgctgag acagtctgag aagaggctta120 ggaatttgtc tgtgggagtt tattcatctg tctctcctat ttacctctcc caaaccagga180 tttccacttc tcaaacctgc tgtgatctca caactggagg gaggaagtga gctggggggc240 | 60 |
| | 65 |

DE 198 18 620 A 1

```

tcattctccac tggctgcagg aacaggcctc cagggctccc agactgatat tcagactgac300
aatgatttga caaaggaaat gtatgaagga aaagagaatg tatcatttga acttcaaaga360
gacttttccc aggaacacaga cttttcagaa gcctctcttc tagagaaaca acaggaagtc420
5 cactcagcag gaaatataaa gaaggagaag agcaacacca ttgatggaac agtgaaagat480
gagacaagcc ccgtggagga gtgttttttt agtcaaagtt caaactcata tcagtgtcat540
accatcactg gagagcagcc ctctgggtgt acaggattgg ggaaatccat cagctttgat600
acaaaactcg tgaagcatga aataattaat tctgaggaaa gacctttcaa atgtgaagaa660
ttagtagagc ctttttaggtg tgactctcaa cttattcaac catcaagaga acaacactga720
10 ggaaaagcct tatcagtgtt cggagtgtgg caaagctttc agcattaatg agaaaatta780
ttggcatcag agacttcaca gtggggg
806

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 241 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

ggtggaattt ttttgggccc agtatttggg gggatgatagg ggtagagggt tgtaaataact 60
taaaattttt ttcttttctg gtataattat tgatctcctt ctagaagtcc tgctgtcttt120
gctggagaat ttttatttaa gcatccgttt gtagaagaat ctctaagtgc cgtttttcat180
ccagatctac aattgatgaa tcctaaaggt atttctacaa agttccgtta ttcagtttttc240
c
241

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 266 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

15

```
gcggatccgg cgttctgcac tgatcttttc caaggtgta cagagatggc ggccgggtttt 60
cggaaggcgg gtaagtcocg gcagcgggaa cacagagagc gaagccagtg actaccgtaa120
aaaacaaggt acctcaaagg tggtcggag aaggtgttg aaaaaaatcc agtgagttct180
actacaaaat gactcgggtt aaactccagg gtgggtgaca aattat 226
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 151 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

50

```
ggtgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgggtgt cccactgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagaggt agaccagcac tggcccttc agcccccctgg tagcctgtgg120
tgcaactgaa ctggcaggtg ttgccgtgtc t 151
```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

gcagccgctcg ccttcggagc gaaggggtacc agcccggcag aagctcggag ctctcggggt 60
atcgaggagg caggcccgcg ggcgcacggg cgagcgggcc gggagccgga gcggcggagg 120
agccggcagc agcggcgcg cgggctccag gcgaggcggg cgacgctcct gaaaaacttg 180
gcgcgcgctc gcgccactgc gcccgagcgc atgaagatgg tcgcgccctg gacgcgggtc 240
tactccaaca gctgctgctt gtgctgccat gtccgcaccg gcaccatcct gctcggcgctc 300
tggtatctga tcatcaatgc tgtggtactg ttgattttat tgagtgcctt ggctgatccg 360
gatcagtata acttttcaag ttctgaactg ggaggtgact ttgagttcat ggatgatgcc 420
aacatgtgca ttgccattgc gattttctctt ctcatgatcc tgatatgtgc tatggctact 480
tacggagcgt acaagcaacg cgcagctgga tcatcccatc cttctgttac cagatctttg 540
actttgccct gaacatgttg gttgcaatca ctgtgcttat ttatccaaac tccattcagg 600
aatacatacg gcaactgcct cctaattttc cctacagaga tgatgtcatg tcagtgaatc 660
ctacctgttt ggtccttatt attcttctgt ttattagcat tatcttgact ttttaagggtt 720
acttgattag ctgtgttttg aactgctacc gatacatcaa tggtaggaac tcctctgatg 780
tcctggttta tgttaccagc aatgacacta cgggtgctgct acccccgat gatgatgcca 840
ctgtgaatgg tgctgccaag gagccaccgc caccttacgt gtctgcctaa gccttcaagt 900
gggcggagtg agggcagcag cttgactttg cagacatctg agcaatagtt ctgttatattc 960
acttttgcca tgagcctctc tgagcttgtt tgttgctgaa atgctacttt ttaaaattta1020
gatgttagat tgaaaactgt agttttcaac atatgctttg ctagaacact gtgatagatt1080
aactgtagaa ttcttctctgt acgattgggg atataacggg cttcactaac cttccctagg1140
cattgaaact tccccaaat ctgatggacc tagaagtctg cttttgtacc tgctgggccc1200
caaagttggg ctttttctc tctgttccct ctcttttgaa aatgtaaaat aaaacaaaaa1260
atagacaact ttttcttcag ccattccagc atagagaaca aaaccttatg gaaacaggaa1320
tgtcaattgt gtaatcattg ttctaattag gtaaatagaa gtccttatgt atgtgttaca1380
agaatttccc ccacaacatc ctttatgact gaagttcaat gacagtttgt gtttgggtgg1440
aaaggatttt ctccatggcc tgaattaaga ccattagaaa gcaccaggcc gtgggagcag1500
tgaccatctg ctgactgttc ttgtggatct tgtgtccagg gacatggggg gacatgcctc1560
gtatgtgtta gaggggtgaa tggatgtgtt tggcgctgca tgggatctgg tgccctctt1620
ctcctggatt cacatcccca ccaggggccc gcttttacta agtgttctgc cctagattgg1680
ttcaaggagg tcatccaact gactttatca agtggattg ggatatatt gatatacttc1740
tgctaacaa catggaaaag ggttttcttt tccctgcaag ctacatccta ctgctttgaa1800
cttccaagta tgtctagtca ccttttaaaa tgtaaacatt ttcagaaaaa tgaggattgc1860
cttcttgta tgcgcttttt accttgacta cctgaattgc aagggatttt tatatattca1920
tatgtttaca agtcagcaac tctcctgttg gttcattatt gaatgtgctg taaattaagt1980
cgtttgcaat taaaacaagg tttgccaca tccaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaagggtgg2040
cg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

DE 198 18 620 A 1

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 147 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

ggaaagggga tccaggacat gaggggaccc tgtcccatgg ggtccctgc tctgcaacac 60
acaggtagtc ccagtgcctag cattggctta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcagt120
gtgtgatctc gggtcattgg ggctccg 147

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 143 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

ggaaagggga tccaggggat gaggggaccc tgtgccatgg ggtccctgc tgttcaacaa 60
aaaggtagtc ccagtgcctag cattggctta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcaatt120
gtgtgatctg gggtcattgg ggc 143

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

agcagagtta gccagaaatg cctcctgctg cccagcctt agagagctcc catctcaatc 60
attgagcctg aaggcttcaa gcccaagaat gcaacaagac cccagccta catttctcag 120
ctcccctgga gccagctgat cctgtaacgc tgctggaggt cagtctgagc taccaagact 180
gtccctagac aaagggtggag tccccacac tgcccaagac caaatccctc actcaacctg 240
ctgaggtgtg gatggggaaa cagaggcaaa actgaggcac ctgatgcatt cagcctgctg 300
tgcagcagtg ccattgactg ccctgatgtt cagagagaaa cgcacacaag gtttgcccat 360
gagaattggg gagcagatgg ccaagcagat aggttatgtc tgttttctga gtgatgaagt 420
caggaagccc tgtgctctg gaggccactt gtggttcatt cttttcccat atccttggtc 480
tttagaaatg gttacctca ggacagtgc gctgcattta tcagagcact attgctaagt 540
tttcttttct ggcttgtgtt tttctgggac agtttagaat tgggaggcct attctcatag 600
aacacaaaaa atgatgttca gtgattcatt taacatacac caatgtactc tggctgctgg 660
ggggacaacc ataagcaaga catgccagg gtttgccgtg gctccagatc tactccctgt 720
aggagttcaa ggatcacaca aacggtagta accagggttg tgaatctgag tacaccctgg 780
caaggcttct cttcagactg aagcagcaat tctgccacta ccagcagcaa ccaggacgtc 840
tgttctttgt gggggccaga tcagaagaga gaggccctg tgacgcccgg gctgcttggg 900
cacaactctg tccaattcaa ggatgtttat cggcctctct tagatcctga gtgagacaaa 960
tacagaaatg acccattccc tgcccaccag aaactcagag gtgattgggg agactgacac 1020
aggaaaaatga acttaataca gagagactgt gatatgtgct aagaagggtg tgagggaggg 1080
agagatgaat tttccctgga gggatccctag aaagcattgt catattgcca tctccattag 1140
ctcactttta aacaactagg gtgctggaa gaaacctttgtc tgagggtagt tcatagctgg 1200
aaatacttgg aatattttcc agagtctcta aactctcctc ttccccaca gatacacatc 1260
caagctcaca aataggagta gcaattctag gtggtagggt tgtgtacgga acccctggct 1320
gtctgcatat atctcagaat taccacagga ccattgtccc aaagtctaga gtctttacag 1380
gtaggcaaaa tttgttttca atgctgtgct ctgagctgct gtcacaaata cccatcttag 1440
gatcccatca gcttcccatc ccccaccaga cagccacagt accctcactt tctccctatt 1500
gttctttcaa atcctgttct caggaaagaa actgccacta attcattcac actaagggtg 1560
aaatgattga taataggaat gagttacctc ttcccacaga catttgtttt taagtatgac 1620
agagcagggc cttaatccca agggaaaagg ttatggaact ggaggggggt agctttctgg 1680
gtagaaggag acttccctgaa tttccttaa acccagtaag agtaagacct gttgttttgg 1740
aagggtctgt ccaccatcta agagcactgt tttttttttt gttgtgtgtt ttgttacgg 1800
ctctgagggg atatagtaaa aatgcatatg cagtgcaat ttgcacggca gcatttcacc 1860

```

DE 198 18 620 A 1

```

gattgtggac tgtattggct aatgtgtttc ctggctttta gatgcanacc attaatataca1920
ctatcttata tcatagtttt ttcaggggtg cttcttyatt agtaggggat tttgaacacc1980
tcttttaaata cagctagaaa ataaaaacaa tttgtaaagc cacatttgca tatgatgccca2040
gcctcacgca tttgtatata tccagaaatt caggtatgcc tcaccaattt gcccgctctt2100
aataaaatct tgtgttaaaa tttgcatcac gtgccttcc tatgtatgac gaaacaagaa2160
acagagattt ccaattgctc tttgtcttc agacatttag taatataaag tacctatttt2220
tatgctgaaa tgtttatata ggtttattaa tagcaagtgc aactaactgg cggcatgcct2280
tgcaacacat tttgatatat tagccatgct tccgggtaaa ggcaagcccc aaactcctta2340
tcttttgag tctctctggg atcagtaaaa gaaaaaaaa ataattgtgt taagaagtgg2400
gactgtaaat atgtatattt aactttgtat agcccatgta cctaccttgt atagaaaaat2460
aattttaaaa atttgaatgg aagggggtaa aggaggtcat gaagtttttt tgcattttta2520
tttaaataaa ggaattccaa ataactcacc tacagatttt tagcacaaaa atagccattg2580
taaagtgtta aaatttacga taagtattct attggggagg aaaggtaact ctgatctcag2640
ttacagtttt ttttctctt ttaatttcat tattttgggt ttttggtttt tgcagtccta2700
ttatctgca gtgctattaa gtctattgc tagaatagg tactacaaaa aaggttatat2760
tctgaaagaa aaataactga cattatatat aaccaattaa tttaaagtat tgcattttaa2820
attacacact gagagcatgt cctatgcaga catagatttt tctgttcatt tatttttctt2880
cattgcagt gattgatttg ataaatagat gtgttgaaat actacatttg ctgtacatat2940
tatttaataa actttattca gaattgogtg gcaaaaaaaaa 2980

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 227 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

cagcattgct ccacggcaca gcataaggat agatcccaag tccacagggt ccattttgca 60
ggtcatatcc tgatcctagg aaatgtcctt ttcccatagt tgcctatgc ctttgggggt120
tagtctatcc caggggtaac tgtggagaaa tcattgggtt gagagtcaag agagcattgg180
ttttggagct ttaatccctt tctggttgaa ataagggtgt caacttg 227

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 246 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74

```
ctcgtgcggg tttgggtttg gtgaaactag tccaaaacag ggagtttaac agacagccac 60
agccaaagag tgtcatgtga gttacaggaa gtagagccca tttagggaag gtagaacta120
gagagggttt tcaggatagt tccatgttga gcagttgagt catagcttct gatcttggag180
gaaggacaca cttcaaaggg gcagtaagga ttttgtaaaa cgtggcatcc ataatttact240
atggggg                                     246
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 773 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```
cggaagtgtg aaggttctcg cctctctctg gcgaggcgga acctctctgc tgggcccggg 60
ggccgcaaaa gaactttctt tctcccgccc gaacgggtcgc cgcgccaac tgcctcgccc120
gcctggcagc ctaaccctcc ttctctctct ctcctctctg gcttcgcgcg gccctgctct180
```

DE 198 18 620 A 1

```
cctctcgccc ggaggcatcc gcttgctgct gccaccgact cctcatcttc tgccccgcca240
accggcctgc cccgctgcag tgatgtgoga caaggagttc atgtgggccc tgaaaaacgg300
agacttgat gaggtgaaag actatgtggc caaggagaaa gatgtcaacc ggacactaga360
aggtggaagg aaacctcttc attatgcagc agattgtggg cagcttgaaa tcctggaatt420
tctgctgctg aaaggagcag atattaatgc tccagataaa catcatatta ctctcttct480
gtctgctgtc tatgaggggc atgtttcctg tgtgaaattg cttctgtcaa aggggtgctga540
taagactgtg aaaggccag atggactgac cgcttttgaa gccactgaca accaggcaat600
caaagctctt ctccagtgat ggtggtgatg actgataact ccggaagaat gactctctg660
tggcctcaca ctgctgctg tctgtctgtc actctctatc tgccagcttc ttcagctaaa720
tactttaaga ggggtgagg gagagagaaa ttcataacaa atccgactac cag 773
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 293 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```
gcaacgggcca gctgggtcag ccattcttct gttagcagat ctttgacttt gccctgaaca 60
atgttggttg caatcactgl gcttatttat ccaaacttca ttcaggaata catacgggcaal20
actgtctcta attttcccta cagagatgat gtcattgtcag tgaatctacc tgtttgggccc180
ttattarrct tctgtttatt agcattaatc ttgactttta aggggttaatt gatagctgtg240
tttgactgc taaccgtaca atcaatggtg gggactcctc tgatgtccgg ggt 293
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 870 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77

```

gacccggcgt ggctactagg agaaggacgt acggtcctgc tagtagagga atatgtcgag 60
tttctctagg gcgccccagc aatgggccac ttttgctaga atatggtatc tcttagatgg120
gaaaatgcag ccacctggca aacttgctgc tatggcatct ataagacttc agggattaca180
taaacctgtg taccatgcac tgagtgactg tggggatcat gttgttataa tgaacacaag240
acacattgca ttttctggaa acaaatggga acaaaaagta tactcttcgc atactggcta300
cccaggtgga ttttagacaag taacagctgc tcagcttcac ctgagggatc cagtggcaat360
tgtaaaacta gctatttatg gcatgctgcc aaaaaacctt cacagaagaa caatgatgga420
aaggttgcag ctttttccag atgagtatat tccagaagat attcttaaga atttagtaga480
ggagcttcct caaccacgaa aaatacctaa acgtctagat gagtacacac aagaagaaat540
agacgccttc ccaagattgt ggactccacc tgaagattat cggctataag agaataagaa600
ttgcagaaaa taacagtcaa gtgattgaaa ctttcttctg atgagtttct ctaacctaca660
ggatggagta aaacaactgc tacagttcag cacctgtttt atgtgccgaa tcactgtggg720
gaaaggtcag gaaggtgtag tcttcaata ggaaattgta attaaaatat aattttatag780
aaccattttt atgtaatctg atttgaatgt tatagttgat aataataaaa tcacttactt840
ggttgactaa aaaaaaaaaa aaagtcgacg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 237 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

DE 198 18 620 A 1

ttgtgatcgg ctatccttcc cggatcaaca gcgagcccag cccggtcatt tacaaccggc 60
ccgggaacaa cgtgaaactg aactgcatgg ctatggggat tcccaaagct gacatcacgt120
gggagttaac ggataagtcg catctgaagg cagggggtca ggctcgtctg tatggaaaca180
gatttcttca accccaggga tcaatgacct attcagcatg ccacaaagag ggggtggc 237

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 439 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

gtttgggaag ttgagatttg gagcgaataa gtagggatct ggcaagagga tcatctacct 60
cagtcattag gatttcttaa taaaaaagag attgtatatt tgagttgggt attagattal20
ttaaaattag ccttcccttt gaaatatgac atcagctttg ctgttctaaa tttaaaattal180
gttgcttcat cagtagcaca ctccagttt ctataccaag ccagtcttct cagttttccc240
cttaggatgg gacaagtctg ttcagggggg cattctgtaa gggtcagcag ggggtttggg300
agaggattta aggggaaata cagtgggggc agaattgggt cgggggtaaa ggtaggggac360
aaggaggagg gggcgaaagg aggggtggaa ggatgggggc cttacctaga tcgggggatg420
ccgggggggc aaggcaagg 439

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2483 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

gcaaaagtct tcaaaactatt gagaaagagc catagactga gtgcaggcac cagtgcgctc 60
15 ttattactgt gtcaattaaa tgaatgtatt tgaatgtttg gatacttacc tctgaatgta 120
ttttgagtaa taacttcaag tgcaaattat gccatgcata atttctttgg tctcatgttt 180
ttccccctt ttcttttagg ctttgtcttc tgagtctata gaaaaacttc cagtttttaa 240
caagtcagcc ttcaaacatt atcagatgag ctctgaggct gatgactggc gtatcccaag 300
cagggaaacca aagaacctgg caaaagaagt ggccatgtga agaggacac tcaggacact 360
20 ttacgggatac aaagtgggtc tacaccaagt ctgcttcctg aatgtttgtg tgtgaacct 420
tgtttcctcc aaaacaaacg acagcaacga aaactcctta atcagaacac tgatccaatg 480
aggaatggag cttgtttctg tgaccaggga gaacttagtg caagactaca ggagttaaca 540
gatggccagc tccttatttt ttaatgtaga ataactcctg agtttatatc aaatcctgaa 600
gaaataagcc tcagttttcc atctgttttt gataagaata agaaagggag tgagtgtgaa 660
25 gatggtgggt agcagtttca ctaagactga tatttttagg ctcttggtca catcaaaaga 720
lattggtgtc agaataccag cattttcctg ccatgcaaag gattaaaact tagtttacac 780
tatgtggtta caaatatatg tcaatgtaca ttttgaacat atttatgtgc tatggaagga 840
aatgctgggt actaaaataa ggtttactct gaaagaggag gaattttatt caaagcattc 900
aaacatttta ttcaagtgt tcaaaattca aagcattgta ttcaaagtgc cagtgaaggc 960
30 atcaacttat gtaaaaactc agaaggaagg ctctctgat aaaaacacag ctcttttatt 1020
atgctgcttt tcttgttcac tttacacact aagtaaacac ttattgtcag gtgcctagtc 1080
ttgagtgaat tgttagatgt gcactgaact cgggatgttg gggattggag agagagaatt 1140
gccaaagtaa cagcaaaaat atctcttact ttgctttgtt tataaataaa ttagtagatt 1200
ggaaaaacta gtgttaggga aagaaatcac atgttcagag cctaattcag taggaagggc 1260
35 ttttctctac cctgaaatga aggtaatcca aaggcatcca ttttctaggc ttaaaagata 1320
tatttttgat atatttaatg atattctcta cactccagca ttaatatgtc tgtttaaaaa 1380
ttactaattc tcaaatggct caagaacatt agaatttaag taccttttag agtaattatt 1440
ttaaqcaaat aqctggagc taagagattc tcatgccagc atgctttcat ttgtcagttg 1500
ttgtgactga gagataatga atgacacctg aaatgcataa ggtatttttg ggagagttaa 1560
40 ggtataattt gaaggttggc agaccagttg ggctgattac tcttagagaa gaagaaatgg 1620
aaaaatgaaa gaaggcagga aggaaagaaa ggatatagga agagaggga gcagaaggca 1680
ggcaattttc tattttcccc acaaattatt tcaaaaaaaa tctgtatttt ctgggatatt 1740
tcatggcaa gaggaagaac tgggtgtttg aaagcagtat ggattcttta aatgcctctc 1800
45 actctacaa gatagtaggc tttagataa taaacttacc cgtgtcaatt aacatttaaa 1860
ctggcatata gaaaaaaagg aggatttttc tgcattgtaa aataatcagt atgggtttat 1920
tgttgaattt qacatttgtg tgaatttca tgggtggcta gtgttgtgtg gcttctggta 1980
atggtaatag aagctcaact atttttttgt ggatttcagt tttatcatc agaagtccta 2040
gacagtgaac tttcttaatg gtgggagtc agctcatgca tttctgatta tacaaaacag 2100
tttgagtag gttatttgtc atttcagttt tttactgaaa tttgagctaa acatttttac 2160
50 atgtaaatat ttgtatttac caaagattta aatcagttga ttaattaatt aactcaaaat 2220
ctgtgaacta tctttaaaac actagaaaaa agaaatgtta gtatctcaat tacaccaact 2280
gtgcaaatga actttgataa aatagaaata atctacattg gcctttgtga aatctgggga 2340
agagctttag gattctagta gatggatact gaatactcag gccacttaa tttattaatg 2400
tatacattgt gtttttgtct ttatgctatg tacagagaaa tgtgataatt ttttataata 2460
55 aatatttttt atgatgataa aag
2483

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

DE 198 18 620 A 1

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

aaaaaagtgg gagcagttga ttagttgatg tgtttgaacc tattgagaag gactttctat 60
tctgctacgg actttagggg tgaatttgca ctagacaggt aaaaaactaa ccaggggatt120
aaaaaatagt gtttaacttc tggggaaca aggtgaataa ggaaggaaat gcaggcatgg180
aagttatagg gcactacatg ac 202

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

60

ggtggtgggg. gggggggtgt tgggccaaaa gaattcggtg tctgacaaca gcatcatcta 60
cctcagtcac tagggtttct taataaaaaa gaggttgat ttttgacttg gttattaagg120
ttattaaaat tagcccttcc tttgaaatat gacatcagct ttgctgttct aaatttaaaa180

65

DE 198 18 620 A 1

ttagttgctt catcagtacc acacttcacg tttctatacc aagccagtct cctcagtttt240
cccattagaa tggacatgtg ctgttcagcg tgtcatgt ct gtaatgcttc atgcagagag300
tttggtcata gtattaaaga gaaaatacag tgaggtcaca atgtctccag agc 353

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1039 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

cggggataac caaacacagc tgtttacggt ttctccctta acccatgctt tcataaacco 60
cttcggacag cttccccgtc caggctttct aaccacacct accccagggg tgccgcattc 120
ctgcactcag aagtctgcag cggtccttca aaaaacttga ttgtgccata aaaatcactg 180
gggatcttgt taatacagct tctaactcaa tagatctggg agatcctgca tttctaacaa 240
gctcccaggt aaggcggagg ctgctgggtg gaggaccatg ctgtgagcag cagggcgaga 300
gtgccagggt ctgatataata ttggaaatat caccctgaa gccatcgctg gccccacct 360
cctgtggact gatgccccag ggattccac ccaacttctg caacccaggt tatccttcat 420
tatccacccc atcccagact cccacccag ggattgccg tgaagacttt gccctagcaa 480
attgtgttg tttatgtgagt gttgttttaa tcagagatgt acatgattgc caatctgcat 540
ttcttaccag tgtgaccaca ctgttaacgat gcaattctag ccaaaaaaaaa actttttcct 600
agtcttatgg aaagcaaata tacaatgatt ttcagttagc ttctggaata gaaacagtgg 660
tttgaagacc cactgcccac ctttatggac tggccccctt gagtctgaat ccccgccctc 720
tgtcacctga gacccaaccc ctgactgggc caactccagt gaattcacc atttttcttc 780
ttcagaaggc ctttctgtg tgagaccac atattttaac cttttgctcc tatccattt 840
ttaaagaatt agagaataaa ccaggcctgt ttcttttccc ctgaaatccc tgccctctggc 900
ttcctaaacc catcatctaa ggtgacagag cagtgtggg aataggcatc ttcttttcaa 960
ctttcccaaa actggccaca gataggctgg ccattggga ggtctttgga tttcggggga 1020
ggcaaacgtg ggggattgt 1039

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 270 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```
gaacagttgg aagcttctta tctcttttta ggtctttaac aaagaatttt gttttatatt 60
tagaccgagg tctataactt gttctgtgac aggcaagata gtaaatagat aagactttgc120
aggccagacc atctctgctg tgatgactcc actctacctt tgtaaaagaa aagcagccat180
agacaatatg taaacaaatg agcaaggctg tgtgccgata aaactattaa agggcactga240
aattttcagt tcatataatg ttttcagga 270
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```
agtgtattca gcaaagagg gtcagaactt tcagtttatt gatggttatt cagccgcaga 60
tgagagttta tgcgtcagcc acttcaattt ctgtaaacag aggcacaggc caaggactgt120
aaggggcaga actagttttt cttcaaaatt gcctaggcat aataaggaaa atagcacttt180
tatttcaagg aaaccgatgg aatgttcaaa tgagggaagt gttaatcaag ggcagtcgga240
tggatcaatg ggtaaatttt aggtggcgct aaggaggggc ttatattcac tcaaaccgg300
atgttatttg gtcgggccaa ggttgaagg 330
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86.

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 235 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```

atttaagtat ttttttagttt ttaaaatgtc tttccggtga gggaaggagc cccagccaga 60
aagcaattca atcatgggtca agtttccaac tgagtcacatc tgtgagtggg taatcaggaa120
aaatgaggat ccaaaagaca aaaatcaaag acagatgggg tctgtgactg gatctttatc180
atccattcta aatccgattg aatattgcgg gcttacaaaa tgccaagggg gtgac 235
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 189 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

DE 198 18 620 A 1

gggaggcttt gtgttgggga gtttgggtat ttgggattct aattgttaac cccagaagaa 60
 ggtaatttag cttgtattta attaaaaacc cttaggccgt tacttatato tggtagaatt120
 ccagtgatca gcctaataag gtataattca gaataatttt ttttccttc agaataactt180
 agaatcaga 189

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

35

caggaccagc ctggccaaca tggcaaaacc ctgtctctac taaaaagtaa aaaaaattag 60
 ccgggcatgg tggcttgtgc ttgtagtccc acttcagtc aagtagctgg gactacaggc120
 acgtgccaca agccagccta atgtgggtgt tttgttagag atgaggtagg gccatattgc180
 ccaggctcgt cttgaacacc ggggtcgaag gaatctgccc atcttcgcct cccaaagttc240
 tgagatagca ggtgtgagtc atcatgccc gcctccttga agtttactaa caattgggat300
 aactgaggga agagaagtga caattccact cagtctatta gaggtctgga tataaggtag360
 ccacacaata actctaact gacttctaac cattctatct tattgatttg gaggtgtct420
 totgccagat tttttgtggc ttgagatgat attttogaac ccttccttca ctacctttct480
 tacccttaat gtgccaagct tgaaacagga tttgatttcc tgagctactt gttgccttc540
 tgtgcgtcac caagtaatct ggttcattct tcgtctcatt catgttattt tcaagtga600
 caagacattt tgggggtcaa gtctctttgg gtgttttgtt tttatgtata taaaaatgga660
 ttttgtgttc cctttccatg taagtaccaa cttatatgga aactcacaat cataatgtaa720
 agaagaaatg aaagcctggt gtattgtact tcaagatgcc tccctgatgt atagaatctc780
 cttgtaaaat aaataattgc attgtatatc agtcttccca tcaatattaa ttattaaata840
 ttttagaatt tttaaatacc aactat 866

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 224 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```

agcagttgga agcttcttat gtcttgggag ggtettaaca aaggattttg tgtgatgttt 60
agaccaggt ctataacttg ttctgtgaca ggcaaggtag taaatagata agactttgca120
ggccagacca tctctgctgt gatgactccg ctctagcttg gtaaaagaaa agcagccata180
gacaatatgt aaacaaatga gcaaggctgt gtgccgataa cact                224
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 846 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```

ctccttgtcc aacggaaaaa acatggaagg gttaagccta aacaaccctc aaacggaact 60
ttatgccaga aaacaactac ggaataaaaa cccacaaaaa tacagagagg aacgttttta120
acctttaggg cctgcgtcct ctgcctttgg cccatcaggg tcaaagagta ggagtggaga180
aggaagggat gggacagcat cccctgggac gttcaagtac catccctggt ctccactctc240
cagccttaga gagtggacca gccagagcac ctctctgga ctctcagacc tgctgctttg300
    
```

DE 198 18 620 A 1

```
tctctaccaa ccttggcagg gatctaggat ccatttagtg qgatcagggt ccagtcaata360
ccattggggc tcaaataagt tcttagaacc acagagtcta gggccagggt cccaactcat420
agggtgacgga gttccctttc aagctcgtgc cgaattcggc acgagcgggc acgagcttga480
agggaactcc gtcagctatg agttgggacc ctggccctag actctgtggt tctaagaact540
tatttgagcc ccaatggtat tgactgggac ctgatcccac taaatggatc ctatgccct600
gccaagggtg gtagagacaa agcagcagggt ctgagagtcc agacgagggt ctctggctgg660
tccactctct aaggctggag aaggagacc aggatggtac ttgaacgtcc cagggatgct720
gtcccatccc ttccttctct actcctactc tttgacctg atggccaaag ccagagacgc780
aggccctaaa ggtaaaaacg tctctctgtg attctctggt ttttactccc tagtgtctct840
gcataa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 223 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
ctcaaaggaa aagttaacaa agaaaaagga tgcgtagaca acaattccat ttaggtgatg 60
ttaattgaag tacctgcagt gatacataac agataaatgg gtgccagggg ccaggacag120
gggaggggat ggggtgtggc agaaaggggt aacacaaagg agtcttgtga taatggaatt180
gttctggatc ttggttgtgg tggtagttat gcaaggctac atg 223
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1374 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15 cgaaagcgtc ggactaccgt tggtttccgc aacttcctgg attatcctcg ccaaggactt 60
   tgcaatatat ttttccgcct tttctggaag gatttcgctg ctteccgaag gtcttggacg 120
   agcgcctctag ctctgtggga aggttttggg ctctctggct cggattttgc aatttctccc 180
   tggggactgc cgtggagccg catccactgt ggattataat tgcaacatga cgctggaaga 240
20 gctcgtggcg tgcgacaacg cggcgacaga gatgcagacg gtgaccgccg cgggtggagga 300
   gctttttggtg gccgctcagc gccaggatcg cctcacagtg ggggtgtacg agtcggccaa 360
   gttgatgaat gtggacccag acagcgtggt cctctgcctc ttggccattg acgaggagga 420
   ggaggatgac atcgccctgc aaatccactt cagctcatc cagtccttct gctgtgacaa 480
   cgacatcaac atcgtgcggg tgtcgggcat gcagcgctg gcgcagctcc tgggagagcc 540
25 ggccgagacc cagggcacca ccgaggcccg agacctgat tgtctcctgg tcacgaaccc 600
   tcacacggac gcctggaaga gccacggctt ggtggaggtg gccagctact gcgaagaaag 660
   ccggggcaac aaccagtggg tcacctacat ctctcttcag gaacgctgag gcccttccca 720
   gcagcagaat ctggtgagtt gctgccacaa acaaaaaata caataaatat ttgaaccccc 780
   tcccccccag cacaacccc ccaaaacaa ccaaccacg aggaccatcg ggggcagagt 840
30 cgttggagac tgaagaggaa gaggaggagg agaaggggag tgagcgccg caccagggc 900
   agagatccag gagctggcgg ccgccgatca gatggagaag gggggaccca ggccagcagg 960
   agacaggacc ccgaagctg aggccttggg atggagcaga agccggagtg gcggggcacg1020
   ctgccgcctt ccccatcacg gaggggtccag actgtccact cgggggtgga gtgagactga1080
   ctgcaagccc caccctcctt gagactggag ctggcgtctg catacgagag acttggttga1140
35 acttggttg tcttgtctg caccctcgac aagaccacac tttgggactt gggagctggg1200
   gctgaagttg ctctgtaccc atgaactccc agtttgcgaa ttatagagac aatctat1260
   gttacttgca cttgttattc gaaccactga gagcgagatg ggaagcatag atatctatat1320
   ttttatttct actatgaggg ccttgtaata aatttctaaa gcctctgaaa aaaa 1374

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 761 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

5

gacctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcetta taagctgagg 60

gagtggagag gcccggggcc aggaagcag agacagacaa agcgttagga gaagaagaga 120

ggcagggaag acaagccagg cacgatggcc accttccac cagcaaccag cgccccccag 180

cagccccag gcccgaggga cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg 240

gcccattcct acctcgagg tggaggccgg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgcc 300

aacaccaacc gccccagccc tggcgggcac gagaggaaac tggtgaccaa gctgcagaat 360

tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca 420

tggacactac acccagcaat agagacggga ctgaggagg aggaggacc aggacaggat 480

ccaggccggc ttgccacacc cccacccct aggacttatt cccgctgact gactctctga 540

ggggctacca ggaaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct 600

gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg 660

gctcctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagcacaaa aaaaaaaaaa 720

aaaaaaaaatcc ttgttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 761

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1825 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

55

agggagcta gtagcgacc ggaagtgagg caccctcggg ctcgagacag cggcgacgtt 60

taaagctgag cgacccagtg ccaactggaga cggtcagctt ctocactcag gctcctccag 120

cccagccag aagacccct cccccagaat tctgggggcc gatggaagg agccgagtca 180

gatcgcgagg taccagagc cgacagaccg gagcgacagg gagttgccag aagccccgcc 240

cctaggagtg atcgaaagc ctcacccatc cgggtgaggga acccgaggga ccgcctccgg 300

gcggagcgcc gaccatggct acgcccctgg tggcggtcc cgcagctcta cgcttcgccg 360

ccgcggctag ctggcaggtt gtgcgcggac gctgcgtgga acattttccg cgagtactgg 420

agtttctgag atctctgcgc gctgttggcc ctggcttggg tcgctaccgg caaccgaaac 480

gcctttgtat gggcctaaag gccaaggtgg tgggtggagct gatcctgcag ggccggcctt 540

gggccaagt cctgaaagcc ctgaatcacc actttccaga atctggacct atagtgcggg 600

atcccaaggc tacaagcag gatctgagga agattttgga ggcacaggaa actttttacc 660

agcaggtgaa gcagctgtca gaggctcctg tggatttggc ctggaagctg caggaaactg 720

65

DE 198 18 620 A 1

```

aacaagagta tggggaaccc tttctggtg ccatggaaaa gctgcttttt gagtacttgt 780
gtcagctgga gaaagcactg cctacaccgc aggcacagca gcttcaggat gtgctgagtt 840
ggatgcagcc tggagtctct atcacctctt ctcttgctg gagacaatat ggtgtggaca 900
5 tggggtggct gcttcagag tgctctgtta ctgactcagt gaacctggct gagcccatgg 960
aacagaatcc tcttcagcaa caaagactag cactccacaa tccccgcca aaagccaagc1020
ctggcacaca tcttcctcag ggaccatctt caaggacgca cccagaacct ctgctgggcc1080
gacacttcaa tctggcccct ctagggcgac gaagagttca gtcccaatgg gcctccacta1140
ggggaggcca taaggagcgc cccacagtca aggaagaaca tgcgatatac acagcagacc1260
10 caaccaggt catatctaag cctgagagca aggaagaaca tgcgatatac acagcagacc1260
tagccatggg cacaagagca gctccactg ggaagtctaa gactccatgc cagaccctgg1320
ggggaagggc tctgaaggag aaccagttg acttgctgc cacagagcaa aaggagaatt1380
gcttgagttg ctacatggac cccctgagac tatcattatt acctcctagg gccaggaagc1440
cagtgtgtcc tccgtctctg tgcagctccg tcattaccat aggggacttg gtttttagact1500
15 ctgatgagga agaaaatggc cagggggaag gaaaggaatc tctggaaaac tatcagaaga1560
caaagtgtga caccttgata cccactctct gtgaatacct acccccttct ggccacggtg1620
ccatacctgt ttcttcctgt gactgtagag acagttctag acctttgtga tagaactaaa1680
atgctctctg tactctagtc tctgcctcc tcagctctgc aagtagttta gtaggaatga1740
agtggaaagtc caggcttggg ttgcctaact acactgctaa aaatatttgt aatccttaat1800
20 aattaaactt tggatttggt aaaaa
1825

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1374 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

ccgggattcg cctccgggg agcgattggt cctcgggagg ggcggggagg tggacgcggg 60
taccggcggt cgtcgggtcg gcagcctttg gtcagttggc agcggcaagc gcgctgcggg 120
55 tccggtggcg ccatgtcgtt ctgcagcttc ttccggggcg aggttttcca gaataccttt 180
gaacctggcg tttacgtgtg tgccaagtgt ggctatgagc tgttctccag ccgctcgaag 240
tatgcacact cgtctccatg gccggcgctt accgagacca ttcacgccga cagcgtggcc 300
aagcgtcccg agcacaatag atctgaagcc ttgaaggtgt cctgtggcaa gtgtggcaat 360
60 gggttgggccc acgagttcct gaacgacggc cccaagccgg ggcagtcctg attctgaata 420
ttcagcagct cgtgaaagt ttgcctctaa ggcaaagaaa cttctgcctc ccagggtcac 480
taggcgggca gccacacccc accccagacg gccaccacac tgaggccaca cgttggccat 540
tccaccttgg agttggaacc ctgggcgtcg agacaggaag gcaggggcga gtggttgaaa 600
catcaggaca ctcccaagge cccggtctcg aacaagacct tttcgtttct tggaaaagag 660
65 actcatttgc tgatggttca tgcttctgc tgggacagge ctgggctgtg cagccacact 720
gtcggctgac ttagccccc gtcactcta ggtgcctcca ggaggtgagc cctgggtgca 780

```

DE 198 18 620 A 1

| | | | | | | |
|------------|------------|------------|------------|-------------|------------|------|
| gctggtctct | gaatgacgtt | acaccctcac | cttcttttcc | tggccctguc | tctggactct | 840 |
| ccccgtgag | gcccaattcc | aagacagact | ctcgtctcca | cogaagctta | ggccccacac | 900 |
| tcccaggctg | cttaggagac | agaatggaaa | cggaggccgc | ccctgccagc | cgccctggcc | 960 |
| ctggtcactg | catgatccgc | tctggtcaaa | cccttccagg | ccagccagag | tggggatggt | 1020 |
| ctgtgacctg | ctgggaaggc | aggctgatgg | ggcacaccct | tggcctctcg | tccacgaggg | 1080 |
| gagaaacctt | aaccctgttt | cacaatctgt | gcggaagtag | cttgccctcac | ttctgcttag | 1140 |
| gaaagcggt | gttgctccat | aactctaacc | agcacagggc | tgaggcctgc | agtgcacacc | 1200 |
| tgcagggagg | cccttcccaa | ggtgtggtga | ctgtgcctta | ctgtacatgc | tccgaggcct | 1260 |
| ggccatatag | gaggggtggg | gatgctgaaa | tcacccccca | tcttaagtaa | ttactttctg | 1320 |
| gagtaatcag | gtggaaatcc | atagacaaat | gaaacattca | gatgtaaaaa | aaaa | 1374 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1234 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

| | | | | | | |
|-------------|-------------|------------|------------|-------------|-------------|------|
| cttgggaagc | tcttgatct | ttgtcaacct | gactgtgcga | ttctgtatct | tgggaaaaga | 60 |
| gtccttttat | gacacattcc | atactgtgyc | tgacatgatg | tatttctgcc | agatgctggc | 120 |
| agttgtggaa | actatcaatg | cagcaattgg | agtcactacg | tcaccggtgc | tgcccttctct | 180 |
| gatccagctt | cttgggaagaa | attttatatt | gtttatcatc | tttggcacca | tgggaagaaat | 240 |
| gcagaacaaa | gctgtggttt | tctttgtgtt | ttatttgtgg | agtgaattg | aaattttcag | 300 |
| gtactctttc | tacatgctga | cgtgcattga | catggattgg | aagggtgctc | catggcttcg | 360 |
| ttactactctg | tggattccct | tatatccact | gggatgtttg | gcggaagctg | tctcagtgat | 420 |
| tcagtccatt | ccaatattca | atgagaccgg | acgattcagt | ttcacattgc | catatccagt | 480 |
| gaaaatcaaa | gtagattttt | ccctttttct | tcagatttat | cttataatga | tatttttagg | 540 |
| tttatacata | aattttcgtc | acctttataa | acagcgca | cggcgctatg | gacaaaaaaa | 600 |
| gaaaaagatc | cactaaaaag | aaagatttag | atggcttctt | gccagtttga | gcctaattctg | 660 |
| attctttacag | ttttaccttc | ttgaaccaat | gtaaaagttt | ttttaatggt | aaatgattaa | 720 |
| attctcagtg | aggctatctt | ccctttcccc | agtaacattc | ctgaatttac | tggtatctta | 780 |
| ttgtagtact | tgcatgacat | ggattccctg | tatctgatga | gagggttcatt | cttgtgtatt | 840 |
| cagttaatga | caccaaaggg | ctcagcccac | cccaacccta | tctcatgttc | agtctgtcta | 900 |
| atacatgcc | gagatttttt | tttcaaaaag | tgctttatcc | ctacaatgta | ctgacagttc | 960 |
| ttacagttga | gatttgttct | tttcagctat | tgcttgtgaa | aaaaagcaag | actatgtcac | 1020 |
| tctatagaag | gctgttaaag | tgactcaggc | aggaattaat | tattctgtac | ctaaggggtt | 1080 |
| acttgtttta | tgggatggca | ttgacttttt | gaaaatcaag | tggactgagt | cattgataaa | 1140 |
| acattttctaa | gagtggggct | agagaacata | ctttacatct | gacatccctt | ggccttaaca | 1200 |
| catctattat | tatagtgtct | agcagtgtgg | gcattgaaga | ggcgcagaat | gctttgaaag | 1260 |
| aaactaatca | gaatcttggg | acatcatgat | catgccattc | ttaagtaaat | caactatttt | 1320 |

DE 198 18 620 A 1

```

caacactgaa gaaaaatgaa acattattta gacaaatg agattacaag ttccaaactc1380
agccaggaat gtggctcaca cctgtaatcc cagcactttg ggacacctag gtgggagcat1440
cgcttgaagc caggagttca agaccagctt gggcaacgta gtggagaccc ctatctctac1500
5 aaaaaataaa aaaattagct ggggtgtgatg gcacacacct gtttgtocca gctactcaag1560
aagctgagat gggaggatcc tgagctcagg aggtcaaggc tgcagtgagc cgagattgtg1620
ccactgcact gcagcctggg gtgacagtgc aagaccctgt ctcaaaccac accaaaccac1680
acacacacaa acacacatac acacacacac acacgaggtc caaatggtag cagggatcca1740
aagggaaacac agtatgtagg tcaaaactggc agtaacagtgt tacagccttt gacaaactag1800
10 aaatattaga gtaggccaaa cacacctcca aactgtaagg ctgtgcacaa acataaaaaa1860
tggcagcctt ccatctcctg cactggctga gtccatttac ttgtgtactt gttctagtga1920
gtggtgggac tgtacatttt tgaatagacc tcaaaaatac ttcatctctg tgctgttcag1980
ttggcctttt aaacctgtct gcagtaggac actgaaaaca gcaagaactt cgggggtgaac2040
acctgcgtat cctttaacaa ggatttctgg caggaaaactc acaaaaagga gaactgaaaa2100
15 tttagacata cagttggcca ttgtaaaaaa catcagtttc ctctcatata ttccaagtaa2160
accaagtaaa ataagtgttg gagtaacact tgcataaaaag aatttaagga gtgatagctc2220
tttctgttct gccattccca acattcctgg gggaaaggag actcaatgag ttaatactat2280
ttcactgagc ccaagatgga aacttggttt gacctaaaac atctgattaa tataggctag2340
ctgatttctt aaaaattcgt tgcattgaag gatattttgc atgtctgtaa cacctgtcaa2400
20 tacttggttg tattgatctt tgatattctt gcagctgact acgtgtaatt gggcagatca2460
gctttgcagt agattatgct gcatcctcgt ggcaaaattc tgtattctta gtgattgtta2520
caaacccctt tattgtctgc tgagaaagtg aaagattgtg tatttctatt aaaacattta2580
caatcaaaaa aaaaagaaag aatagaagaa aaag
2615

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 508 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

```

gttggcagaa acccggtatc cggttcgggt gggcctccat cagcaagctc cagtgcctacg 60
tgtccctggc attttaggtg tcgggtgggt aggcagtcac ggatcaggta atgcagtttg120
60 ttgagccaag tcggcagttt gtaaaggact ccattcggct ggttaaaaga tgcactaaac180
ctgatagaaa agaattccag aagattgcc a tggcaacagc aataggattt gctataatgg240
gattcatcgg cttctttgtg aaattgatcc atattcctat taataacatc attgttgggt300
gctgaataca ttttggaaga gagtttttca tcttagagat tgggtgaaca gtgtgaggg360
gtgagaaaact cacagaatac aaatttgctt gtatgttttg tgggtttttt ttttccttt420
65 caagatgttt tctatttcta aattaaagta atttcaaagt aaaaaaaaaa aaaaagtcga480
cgcgccgcgc aatttagtag tagtaggc
508

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3588 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98 30

```

ctccgtctca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaggggaag ggaatcccat tttgtgatga 60
tttgggcaca ctacttgagc tgaggctagc agtcacatga ttttggtgt ctctgacctg 120
aagcttttga agtaagggtta tgtctcttcc ctgaagcttt gtttatagt gtaatttggt 180
gagtttgagc tttgagcttg tcttagaaaa taagactgtc cacctgggga ggggagctta 240
tagggaaccc gtgttaactc agaatgctga agaaagtgt tttagccaac aaaagtaaga 300
ttactatcta gaagggtgaa agaagtcatt gcttctgttc ctccagcagt cagttgactc 360
taggtttcct ttggtttata tccccagttc ttaatactaa aacttatttg acttccctatc 420
aggaaagcaca caaaaaaagc gtcattttaa accctggata taggctttta aggatacaaa 480
aacagcagca ttgtcgtttt gccagggttc tcaccatttt gatgtgctac ccctccttcc 540
accctccctt tctgcccccc aagcctccca gccaggccag atgtgaagat tctattaatc 600
actgttttcag agaacattaa ttcttgata gaataattat ctactaaatt gcttattatc 660
tgtgactacc ttgcagagaa catctcaaca gtgcagtaaa atagctctcc tagacttgag 720
cttocagcca ggcattttaga tcaactctaa gcctttgtgg aattctgagg aaaaaagca 780
agatgcctca atgccaatgc tgggccataa gattctactc ccctccctgt aggggtgggc 840
gcgtggctca gctttggaaa atcattttgc cagtaattat gcctgtgaat ccctttaaga 900
agtcgtcctg atctgagcct gtctttctga gcactttggt gctgaattga aaatggttaag 960
ctaaagcagt gacagatcca cgtagcctct ttaacctctt tattatcttg ccaaaaaaaaa 1020
agttttctcag gttaaaccctt tgtctttaac ctccctttgt tgtggagaaa atgtgtcact 1080
aatcagtggt ccaagggata tctagctttg gttactcagt tctgcagca taacagatat 1140
gacttatgcc aggggaaggtta gaggctgatt atggagacac ccaggaacag gaataagaag 1200
ggataggtct gctccacgta gaacctcccc agatcggaag ttaagtcttg gagagtttcc 1260
aaagtgtctga agtaaaaagg agacttgagg ggctttgtct taatgagcaa gaggcttggt 1320
tctcccaag aacatgaggg agttcagaag ggagctatag ctacagaca gaaacctgcc 1380
cgctcacccc atccctcgtg actgggagca tgtttgtct gaattttcta agaggactct 1440
cccttcaaaa atccaatttg ctcccagaat gttgttttag ctctgagaat ctactcttt 1500
catttccatc tgtgaatgga catagatgtg ttgctcagg atcagaaaca tcagagtcca 1560
gggccagtg gcatgggtgt gcattagtag ttgaaaaagt aattggctag ctctactgtat 1620
aaagaaataa gtatgtagta cagttttgta aatgtcaggt ctgttctgtt gttttgtgat 1680
ctgaagactg tcaaaactgt tgataatcaa agaaaaggtt ggtggttaga ataagtaaaa 1740
tttcagttag aaagatatag cttaccagtt ttccatgtgc ttaagggaag caagaatatt 1800
tcaggttggt gagaactgtt gtaaaatgga attgaagcta gtgtctctca ccttcttagg 1860
tgtatcagag agaggaagtg gaaggccagt agtagcatct tcatacttac ttttgccagc 1920

```

DE 198 18 620 A 1

```

ccagcctcca tttcaaagac tttgtcttcc atcctatcca atgacatggt cagggatggg1980
ctctgaggag gcagtggagg cccaccttgg tttgtctcac tgtgtgtggt agtctccaaa2040
cagcttaagg gtttttaagt tttctcacga ttacctccac tccactcatc tactatcagc2100
5 atcagaaaag ttaacatccc tgggaccatt ctacttataa aagagatgaa ctagtgtgct2160
ttctcccctt ttccagggtg gccatccata tacaatctcc tcttggccaa gttcaacaaa2220
tgtttccagg gaaccccctg ggttgaggca aagtagccaa gatgtattga gttaagtttt2280
tctagaggac aaaagtattt ctgtctcctt ttccctcatg ctcatatggt ttagctgagg2340
cgtaaatggc caagttgagt aatatctgtg gaactgagac agagagccag ggacccatgt2400
10 acccagggac cagtccccctg gggaatcaca cagtggctca gactagactg ctctatccca2460
ccagaactct gctgctgttc atttccatca ggaccacca ggaaagcaaa taagttagcc2520
ttctcatcat taggtcacct aatctcttgg gttgcaggat gagagcatat atagatctcc2580
tgtttagaga gtgtgttcat aattgtagaa agggatagaa aatggaataa ccaagaggct2640
gtgtcatttt ttaagaggat ggcaaggatg acctcaaatg agctcaacaa aactgggaat2700
15 ccaaggaaat gtgcttgtag ggaaagagag gtcagttgtg gtctttaaac ctcttggcac2760
cttgtgcggg ttataaaaaca aggagctgga gtaaaattgc ccttaccocc aatccaaatg2820
ctgtccagga tttaggagct acccaacctg tggttatatg gtgttgggtt ccattttttg2880
ttgttttgc tgtttccaaa atagccttgc ttggtactgc atggaaagt caagcttttc2940
ttcttgcccg ctccagggtg gcctcttccc cgtgtcttca cagcgtccct aaggaagatt3000
20 ttgagcac tctctggagc tgaggggagt gaaatttggg ccagagaagg cggaaggaaa3060
tagttttcct gtttcccttt ctcgagggtg atgtcctcag gcttccctca caccctcttc3120
tcatgggtgc ggctggcagt acagtccaggc tgtggaggag ggctgagaag aaaggggcac3180
tggtccagcc ccagggttgg tctgagacag gtacacagca gataccatcc caccctcttc3240
tctaaagaac aggccagcca cacatataac cctttcccta ctttactaat gtatccctta3300
25 tgtggtacca gcaatggagg acaggcagac ttacccctg ccacttagag agaattgtgt3360
tattaccctg aaaacttgac cacccccata tccactcct ttttgtaaaa acaaattgct3420
aaacctgtga gcctgccgtt cctttctatg tgttaatcag ttctcttoca tttgagctgt3480
gtgggaggga agggcattga aattgtaggt tgtaatcttg tgccaaccaa taaaaaccag3540
30 tttttcacac acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3588

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1218 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

65 tgggtggcgtt taaataacaa atctgctaaa gttaggcaac aggcagctga cttgatttct 60
cgaactgctg ttgtcatgaa gacttgtcaa gaggaaaaat tgatgggaca cttgggtgtt 120
gtattgtatg agtatttggg tgaagagtac cctgaagtat tgggcagcat tcttggagca 180
ctgaaggcca ttgtaaatgt cataggtatg cataagatga ctccaccaat taaagatctg 240

```

DE 198 18 620 A 1

```

ctgcctagac tcacccccat cttaaagaac agacatgaaa aaglarcaaga gaattgtatt 300
gatcttgttg gtcgtattgc tgacagggga gctgatatg tatctgcaag agagtggatg 360
aggatttgct ttgagctttt agagctctta aaagcccaca aaaaggctat tcgtagagcc 420
acagtcaaca ctttgggta tattgcaaaag gccattggcc ctcatgatgt attggctaca 480
cttctgaaca acctcaaagt tcaagaaagg cagaacagag ttgtaccac tgtagcaata 540
gctattgttg cagaaacatg ttaccctttt acagtactcc ctgccttaat gaatgaatac 600
agagttcctg aactgaatgt tcaaaatgga gtgttaaaat cgctttcctt cttgtttgaa 660
tataattggtg aaatgggaaa agactacatt tatgccgtaa cacogttact tgaagatgct 720
ttaatggata gagaccttgc acacagacag acggctagtg cagtgggtaca gcacatgtca 780
cttgggggtt atggatttgg ttgtgaagat togetgaatc acttggttgaa ctatgtatgg 840
cccaatgtgt ttgagacatc tctcatgta attcaggcag ttatgggagc cctagagggc 900
ctgagagttg ctattggacc atgtagaatg ttgcaatatt gtttacaggg tctgtttcac 960
ccagcccggg aagtcagaga tgtatatggg aaaatttaca actccatcta cattgggttcc 1020
caggacgctc tcatagcaca ttacccaaga atctacaacg atgataagaa ccacctaata 1080
atccgggttaa tgaaccttgg cctatagctt agtaatttta agtgggttat tttgggtggt 1140
aatgcccact gcttcacacc ttaaacttgc tttagattgg tgggtgtacc tttaaacatg 1200
cagatcagtg gtgactgg

```

1218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1303 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

gtgctcaaga agtgccctga gttgggtgac agtgccatgg ccagcaagaa tcccagattt 60
cagggtttat tacaaaatgt aagtgggtcac ttggcgattt tgtagtacat gcatgagtta 120
ccttttttct ctatgtctga gaactgtcag attaaaacaa gatggcaag agatcgtag 180
agtgcacaac aaaatcacta tcccattaga cacatcatca aaagcttatt tttattcttg 240
cactggaaga atcgtaagtc aactgtttct tgaccatggc agtgttcttg ctccaaatgg 300
tagtgattcc aaataatggt tctgttaaca ctttggcaga aaatgccagc tcagatattt 360
tgagatacta aggattatct ttggacatgt actgcagctt cttgtctctg ttttggatta 420
ctggaatacc catgggccct ctcaagagtg ctggacttct aggacattaa gatgattgtc 480
agtacattaa acttttcaat cccattatgc aatcttgttt gtaaatgtaa acttctaaaa 540
atatggttaa taacattcaa cctgtttatt acaacttaaa aggaacttca gtgaatttgt 600
ttttattttt taacaagatt tgtgaactga atatcatgaa ccatgttttg atacccttt 660
ttcacgttgt gccaacggaa taggggtgtt catatttctt catatgttaa ggagatgctt 720
caaaatgtca attgctttta acttaatta cctctcaaga gaccaaggta catttacctc 780
atttgtgtata taatgtttta tatttgcag agcattctcc aggtttgcag ttttatttct 840
ataaagtatg ggtattatgt tgctcagtta ctcaaagtg actgtattgt ttatatttgt 900

```


DE 198 18 620 A 1

```

accccaata acatcgtctg tactttctgt tttctgtatt gcattttgtgc eggattcttt 960
aggctttatc agtgtaatat ctgcctttta agatatgtac agaaaatgtc catataaattt1020
tccattgaag tcgaatgata ctgagaagcc tgtaaagagg agaaaaaac ataagctgtg1080
tttcccata agttttttta aattgtatat tgtatttgta gtaattattcc aaaagaatgt1140
aaataggaaa tagaagagtg atgcttatgt taagtcctaa cactacagta gaagaatgga1200
agcagtgcac ataaattaca tttttcccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaagt1260
atacgttgga atgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa
1303

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2333 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
actagaaaat gtagcagaat ttgaggccct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagtta agggctcctt 180
tcggatctac cctctgccgg atgaccccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
attacctgac agcgtcccac aggaatgcac ggttaggatt tacattgttc gaggcttaga 300
gtccagcccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
ttatgacacc tttaccgggg atgaaaaagt aggagaaaaca attattgac tggaaccg 540
attcctttcc cgttttgggt cccactgcgg cataccagag gactactgtg tttctggagt 600
caataacctg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaaatgtcg ccagattcaa 660
aggcttccca caaccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatat gaggacgaga 720
ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccccta 780
agagcggtct gctcttcaca tctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaac 840
aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catttccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggcctcctt ttcaacatca cccccggaa 960
agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttggacga1020
gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttcctggcaa1080
tgaagaaaac aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatgggt aagggaattt1140
taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttccagcc gaacaactct gtatcgttgc1200
gaaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatccac ccaggctgat1260
cattcagata tgggacaatg acaagtttc tctggatgac tacttgggtt tcctagaact1320
tgacttgagt cacacgatca ttctgcgaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat1380
tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaa1440

```


DE 198 18 620 A 1

```

gtccatgaaa ggatgggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggetgg1500
gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgcgaaggag gccgacgaga gycacgcccg1560
gaaggggcgg gacgaaccga acatgaaccc caagctggac ttaccaaatac gaccagaaac1620
ctccttcctc tgggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcacgtgtg ggcgcgctt1680
taagtgggtc atcatcggtc tgcgttccct gcttatectg ctgctcttcg tggccgtgct1740
cctctactct ttgcggaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtaacaaag1800
gcaaaggcct catttcaaga gtcattccagc aatgagagaa tcctgcctct gtagaccaac1860
atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga1920
gccccattga ttcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc1980
atcatgttat ctcttaagta ttaaaagttt tattttctaa agttttaaag atgtttttca2040
aaatattttt caaggtggct ggttccattt aaaaatcatt tttttatatg tgtcttcggt2100
tctagacttc agctttttga aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160
gatatacttc atattttgta tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaaac agttagaata2220
gttagaaca ttcttattta tgcccacaac cattgctata ttttgtatgg atgtcataaa2280
agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaaatgtt tcacctttaa aac 2333

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1377 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

cattactgtt atatgagaaa cattttagta atttaataaa aggataatgt ttattttaaaa 60
aacctgactt ttccagagta attttgtttt gcacattcat gtttattgaa gtggactaat 120
ttctataatg caaatcagag ttaaataata aaaatttgtt aaatacaatt gacataggaa 180
ttacattaaa atattaggaa gaaacaagga caaatttaga ccttgaatcc gaagagataa 240
agcttacttg actttcaaat ggagagatga tgaaaaccca ctcattcagt ctttcagaac 300
aaaaagacag tcattctgata agagtatgac atggatgaaa tgccctacag gggccttgga 360
catctttaat ttctgcgatt atgtgaaaga ggtggacttt acagataatg gagcagaagc 420
caacattagt aaaaggaatc ccaacttctt cccatagaat tagaaacatg tgaaagtaca 480
ataaacttct tgttcaaatt accagcatca gagagcttcc catttgcatc tagaccttga 540
atttatattt attgatcaag ttctaatttg tatgtatatt ttgtgcatat tcaccaataa 600
cagttaaaat taattatgtg ttatagttaa tatatgcacc taccttcttc cgttagtgtc 660
tcagtaaatg tgtttatttg tcattttttc aaagagagtg ttgtagggtt tccctgtagt 720
tcttccctta tagcttttct tctgataacc atgacttcag gagctttaaa actatctatc 780
ttgcatttgt gtctggcgga gaactagcca tcagcctcct gaagcctgcc atcattgtta 840
atttgaggac tgggctgtct tggggctcag aaggtaaaga actatttgag cagatgtgtg 900
tgggtggcac tggattccac ccaactgcc aagttagtatt gttagagatt tcattttaca 960

```

DE 198 18 620 A 1

acacaaaaat aagcctgtgt caaagatttt aaaatcatgg aaagttaaaa tctagzaaga1020
 ccttagagaa ccagccaacc aactctctca tttttaaagt gaaggattca tagcacagat1080
 tacttgctta agatcatcca ggaacgaaga caagaatcca aatgtacttg gggacaagaa1140
 5 ttagtcccca aattcagtgt tcttcctagt attaaacatt gcccctttcg acaaattttg1200
 gatttcaatc ttggtatatt tcagtaaacc tgctgattta ttaggttact gggtagatga1260
 cattagaatg tagatagcgt gcacgctatg atagactctg ctaagacatg ttcccagtg1320
 ccagcagcaa ttagatatg tgtgacagtg gtcagttaga agttataaag cagagta 1377

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

ataaggaatg agaagaaagg ctgtgtctta tcagtaggtg agatggaact ggtcctggta 60
 gtgttgagc aggacaggca cttagttctg atgctgtggt cctttgtgat agtagagcac120
 cggggttaac caccactcct ttaggctact tgtagtgaca acagaagtaa aatatttcaal80
 45 ttatttaatt tagaatgta tgttttactg gaacctgcaa tatgcatgta cagaattaat240
 aatttttact cttttgtgca agttatacta aggcaaagcc agtggattca aaagtgagac300
 attgacaggc cattt 315

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2355 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

15

atgatcatgc cactgcactc catcctgggt gacagcaaga tcttgtaaaa aaaaaaaaaa 60
 aaaaaaccag gaggtaaaaa ggaaagtaga aggcagctgc tggcctagat gttgggttgg 120
 gaatattagg tgatcctgtt gagattctgg atccagagca atttcttttag cttttgactt 180
 tgccaaagtg tagatagcct ttatccagca gtattttaag tggggaatgc aacgtgaggc 240
 caactgaaca attccccccg tggctgccca gatagtcaca gtcaagggtg gagagtctcc 300
 ttccagccag tgacctacc aaaccttttg ttctgtaaaa ctgctctgga aataccggga 360
 agcccagttt tctcacgtgg ttctagctt cttcagactc agcccaaatt aggaagtgc 420
 gaagcacatg atggtgaaaa acctaggatt tggcagcctt ccagaatggg atggaatctg 480
 agggaaagatt tatgtttcgt ttggaggat agctcaagtt gaattttctt tccagccagt 540
 taccctttca acctaccat actttgtaca actcttacac aaatacttag atatttatta 600
 gatagccctg aattcactct aattataaac agggagtgt aactgcccc agatgttcc 660
 gggctgggta aaagcagctg gaggtaagca ctcatcttcc ataaaggtaa caaagggcag 720
 ctcatgtggt actcaagctc aaaagggttt tttaagagc aagcattggg taagtctgtg 780
 tatactgagt tggaagtgat ttcagcacat tcttttttag tggagtgaag gttctgaagc 840
 ccccttttaa ctctctcttg gtttttcatt ataattggt gccatctcat gaactgtctc 900
 tgactgttgt ctctttgtgg tcatgtgatt gtgagcttgc tttctgactt gcatttctga 960
 ctttatctg ttgttaggaa gatagaaact aggttttgaa agattacatg attcaagcga 1020
 gggattttaa agtaagatg tatttatct gaagaatcta aaagataaca gattatttgc 1080
 ttatgaaaga acaatatagt ctgggaatcc cagaatgtca agccaaagg ctaagaagtc 1140
 atctccttca aatactttta taaagaagta tttcaggag atatctgtcc aaaaagggtt 1200
 gactggcctc cagattccag ttatttttaa aaagcaact accactaaat ccttgagtct 1260
 ccatagagta acagtaaaga aactgatgta acagactctc ctctcaaagg atctcctctg 1320
 gaagagacta tcagcggcag cattctccag ggaagacca tcccctagt ccagagcttg 1380
 catcctggag actaaagatt gcactttttt gtagtttttt gtccaaatgc aatccatttt 1440
 ctgtgcctct tagcatgcag ttagatttgg acaacaaga ttccaaagga atgactttat 1500
 taactataat atggttacag ctattatata aatatatatt ctggttatag ttctaataatg 1560
 gagatgttgt gtgcaatgct ggctgtggt ggtctgtgta atgctttaac ttgtatggag 1620
 gaggccaggc tcagagctga gatgtggcct gaaccttccc tgtatcgatc ctttaattta 1680
 gaactgtcaa gatgtcactt tctccccctc tgctttttag tggatctga catatactca 1740
 aaacagtaat ttctgtgtca catcattaac tgctaattct gtatttataa agaattttca 1800
 gatggacatg tacaaatttg aactcaaacc atcccagtc cagatacagg gcagcgtgt 1860
 ggtgaccaca ccagagcctc agcctcggtc cttctcagcc gtcgggatag gatccaggca 1920
 tttcttttaa atctcagagg tagcagtaaa cttttcagta ttgctgttag caagtgtgtg 1980
 tttgccaata gataccatt atactaatgt gccaaagtaa tgttcattgc acatctgctt 2040
 ccactgtgtt cccacgggtg ccatgaagtg tgtgaggagc cctcatctg gagggatgag 2100
 tgetgcgttg actactgcta tcaggattgt gttgtgtgga atattcatct acataaattt 2160
 tatatgcaca gtaatttccc tttttatatg tcaagtaact atttgtaaaa gttatactca 2220
 caaattatta taatgattac taatatattt ttccatgtt tcattgcctg aataaaaact 2280
 gtttaccact gtttaaaaaa aaaaagtaaa aaggaggagg tgggaaaaaa aagctggggg 2340
 gggggcccg tagcc 2355

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105: 60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1339 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure 65

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```

25 attcggcacg agcatgaaac atgctcattt. tacctaacag taaacaagta tgttttgata 60
   gatatactgtt aatatgctta tagtggaag aaatggactt gaggtcccag gagatttcat 120
   ttatttcacc ctggtcagat acaataaagg ctatgagtat aaatacataa cttcctaacc 180
   aggtgtaggg catgttcattg aatatcaaatt cttttgatgc tggacccaag agaggaaaag 240
30 ttgtagctaa atgttgattt acttataact agacgtctat gtgagaaaat atatgtatac 300
   atatatatga tatgcagaag tcactttttt tatcaggctt tattctcctt acaaagccac 360
   agtttaactg tctgcaacag ttggtttatg ttaatgatag acaaataccc agtgtttggt 420
   actttttcca actaccactg taatgataat ctttctcagc tatatacatg caacttcttg 480
   gcttcatttc catgaagctg tttcaatata ttcagtatac tttgtcctta atgctgcttc 540
35 tgttaacagt gatctctttc tttttttcat tcttatatct tcattagttc atcataaatc 600
   tgtccagttg aggcctcagg accacggcat gatttcatga ctccgaagta ttttacagaa 660
   acatttttta aataaggga atattttata taccagatgg ttcacaagtg atggctcata 720
   gctagttttt ttttttcttc taaaaaatgt caggttttta aaatcattta ccttatttaa 780
   atgaaaagtg ccatacttaa cttttaaagg aaagacctga cttgcttttt ctctatttag 840
40 actgtttttg tactttacta atctttaaac tatcaggaaa aaaaccaaaa ctttatacca 900
   atgatttagt aatttttgagg catagggtag cttacgtagt ggaggatgtg ccaaatattc 960
   tottcaaatg ccaccttctc aatttataac taaaatagtg ttatctgact aattcctctg1020
   aattttgatg taagatctat ataggcccc aaaaatgatcg tagtacatgc cagtcatttc1080
   tcagtgaat aaatacaata ccagagtaca ttatgggttt tattgctttc ttttatggta1140
45 gacctgttaa tggggaaaaa atacatcaaa tcaaatagaa tcttatatct gtatgttaaa1200
   atagagcact taacctgaagt cagtggcctg gatcatagcc ctggatcatt tcccagtcgt1260
   tccgtgtctg ggtggacctt ggacaaggcg ctgcagtagg tgatggctga gagcccttcc1320
   ctgttcccaa gtgccttgt                                     1339

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3751 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

| | | | | | | |
|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
| gatcgcgagc | ggccttttga | atctattgcg | caaaaagaagt | ttcatttttgg | ttacttagac | 60 |
| ctaagatcac | ttatttaaaaa | tccttatttt | ctccaagccc | agcaaacggt | gacttctggg | 120 |
| caaacctgaa | aacctgaaaa | tgccactttc | atgcagtttg | tttgaagtta | agtggaatcc | 180 |
| tttcaaatga | cgagctgcag | agaactcagc | accaagggct | gcctatctgt | agatagctgt | 240 |
| aaaatggaat | attttttaaat | gaaggcaaat | aagtacttaa | aagtgcagctg | agcaataaaa | 300 |
| tggtocaata | ataggtaaat | gcaacagaaa | cagaaggaga | cctggttgcc | ttatgccttt | 360 |
| actctttacat | ggaataaatt | ccaatgcat | atcctatgta | aaccataagt | gaagggaat | 420 |
| aaacctcgtc | atgctccatg | ctgtgaggtg | tcctttggat | attctgtgat | gacagagaag | 480 |
| cctatttttgt | tttgttttca | gcattctttc | ctgatgtacg | tttttaagga | ttttgttaaga | 540 |
| gctgttttca | gtgttttaaat | tagtgctatt | tttccttgtt | tttaaaaatg | aatctcgtac | 600 |
| tgtatctttac | tatgtccata | cagatgttac | aaatcgacag | ttttattctt | agactcatgt | 660 |
| gatccaagct | gtatatacca | tatataaaca | ttttacatga | atcatttagt | tttttaattc | 720 |
| atttactaat | gtataaaaat | ttcctatatt | accccagtaa | tttgcacag | ctggtttata | 780 |
| tactaaagca | acatgttttg | atgagtttct | tacatcctta | tcgaggaatt | gggttaggaa | 840 |
| aaaatacata | attgtaaaaa | tgagtttgct | gtattatact | ttttttcttg | agtattagtt | 900 |
| gtattactaa | tcatatgttg | attaactgtc | tacttaaagt | caaggtagct | gtatttttaa | 960 |
| tcactaat | tttttttagt | tgaggaaatag | atttcaggtc | ttttattaga | ctaactttt | 1020 |
| ttgagaagta | aaattgact | catatacaaa | gcctgtaatt | ttaggcgaaa | tggaagcaga | 1080 |
| aatctatgaa | gttgtgcttg | cttgtatgtt | gagtttggtc | tcagactaag | taatgcatca | 1140 |
| gaattcatct | gtttgaagcc | tgaaataatt | taggactctg | attcactgac | caaaagtcag | 1200 |
| tgttgca | atttctctac | cccgatgggt | attttgttag | attgttcaac | aggaagcaca | 1260 |
| tgattgagaa | catcttgagg | cagaccaaaa | ccactgacag | atggcaaggc | tcggcgattc | 1320 |
| tgatttccct | tctcaaatct | gcacaactcc | aagagtcttg | agaaactgct | aaaattttgc | 1380 |
| ctctgtcag | caagtctttac | aaatgttata | ttgtaaacct | ttgaggtgaa | ctattccact | 1440 |
| gtcttgtaca | taggcattct | attcactgca | ccctgtcaca | cccagcacc | cccgcgccgc | 1500 |
| acattatttg | aaagactggg | aatttaattg | ttaggagacag | taaatctact | tctttttcca | 1560 |
| gggacgactg | tcccctctaa | agttaaagtc | aatacaagaa | aactgtctat | tttttagccta | 1620 |
| aagttaaaggc | tgtgaagaaa | attcatttta | cattgggtag | acagtaaaaa | acaagtaaaa | 1680 |
| taacttgaca | tgagcacctt | tagatccctt | ccctccatg | ggctttgggc | cacagaatga | 1740 |
| acctttgagg | cctgtaaaagt | ggattgtaat | ttcctataag | ctgtaatagt | ggaggtattg | 1800 |
| tggttgcatt | tgagtaagcc | ctccaaagat | accattcaaa | taacctggga | gaatgtcata | 1860 |
| aattattcag | ataattaaca | ctgcatgaat | ctgattcaga | ggcatgcatt | tacatatggt | 1920 |
| gccctaatta | ccatttgatg | atcataaata | caagtgaatg | acattggact | tttagtaaca | 1980 |
| aacttaattt | ttaaaaagg | gtagacaatg | gtggttaaaa | aaaaaaaaaa | aacaggtacc | 2040 |
| aggttctgtc | tgtttgcacc | aagtaattga | catgtttttt | gtttaataca | tgtggaccat | 2100 |
| gaacagtatt | cattctactt | tttcaaatga | tatgctgtag | aaaatattcc | ttgaagatgt | 2160 |
| gagatttaaa | aatttttccc | tttcaatgtt | gttttaattg | tattttctac | ttggtttttt | 2220 |
| tgattgatac | cacagtgata | aatcataata | ctagacaaaa | ttgtcttctc | tttcaaacca | 2280 |
| gagccatata | tatgtctgta | tatatgggac | ctactgcttc | tctgaggaaa | tgcataatct | 2340 |
| gttaatatca | gacaaaaatga | gcaattggca | gtgctcataa | tatatccaa | tttttattgg | 2400 |
| aattttcgat | ggaatgttat | ttcaataaag | ccatgtaagg | tgaaaactttg | ataacttttt | 2460 |
| actcttcaag | ttagggtaaa | ttctgatcca | atattcaatt | catttgtgta | ctccacatg | 2520 |
| caaaatgcta | aattacaatg | cagacattaa | gaaaaagtat | tgactggagg | ggttgaattc | 2580 |
| cttgagaatt | tattttatag | tctaaatcac | aaatacttta | ctcaatttag | tttttaaaat | 2640 |
| agtaaacctga | atatttttgt | tgtaaagcta | tcagagtcaa | tccttcgttt | ggaattgttt | 2700 |
| tcctgttttt | ccttactata | aatcatttaa | aaactgaatt | cattttctta | gatggcataa | 2760 |
| gtctgtctct | tgagaaataa | gtaaaaatac | cctattttca | gtatctgtag | cacctgaaat | 2820 |
| aggtctttgt | atagccagaa | acaagttatg | ttgaagttag | cttttctttg | tcaacagttt | 2880 |
| tggacaataa | aaatctgaaa | gtattaacac | ttgattttct | actggggccc | ttcaaaactg | 2940 |
| gttggagaa | attcaaccag | aatatctaca | ttagagtata | atcatgtgtg | gtaggaagat | 3000 |

DE 198 18 620 A 1

```

ggactagtta atcaagattt gttgtcactt aaattttttg tgattttttt ccagccagt3060
ttttttaaat tctaaatgtg ttttgaggta tgggtacatt aattgtaatg taaactatt3120
tacaactgtt tttgcgactt tataggcagg taaattttgc tattactatt gaatacaaat3180
5 gacaattcat ttatgaccac tcaaacacgg ttagtaacca tttagtgaca aaggattaaa3240
acatccatct ggatgttaat tttgaagatg taaattatat gttgttttaa tttttccagg3300
catctgaaaa ccttatctgc tagacaatgt aagattcaca cagagttatc tgggattctg3360
atttttttaa tagtacatat cattaaacca ttttctctaa atgtaagaag agcagaaaaa3420
atcttataag attatcagat ttttctaag acacagaaat gtaagaaaaa aatcccttta3480
10 tattgaaaaa agatgcagtc aaagtctttt cagacatgcc caaactttga gaatttcttc3540
aaccatctaa tgctataaag atttttgttc ttctgttca caaccagttg tataacagaa3600
atactagcta ctgttttcct tctgtgtgt gaagtaatga atcattgatt atgtgacttg3660
ttatgtattc aattaaacac taaagaataa aacattcact cttttaatta ataaaaaaa3720
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a                                     3751

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 300 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

cgctcggccc ccgaggagag atcgaggtgt acttgcccaa gagtctggcg gaaaagctgt 60
atctatgtca gtaccctgtg cgtccagcct cgatgacctt cgatgacctt ccgcacctct120
cagccaagat caagcccaag cagcagaagg tagagcttga gatggccatc gacaccctga180
acccaacta ttgccgcagc aaaggggagc agattgcgct gaacgtggac ggggcctgcg240
ccgacgagac cagcacgtat tctcgaagc tgatggacaa gcagaccttc tgctcttccc300

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1465 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

DE 198 18 620 A 1

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

| | | | | | | | |
|-------------|------------|------------|------------|-------------|------------|------|----|
| gccaaccttc | cctccccaa | ccctggggcc | gccccagggt | tctgtgcac | tgcctgttcc | 60 | 20 |
| tctgtgggtg | cactggcagc | cctgtccttc | ctagagggac | tggaaacctaa | ttctcctgag | 120 | |
| gctgagggag | ggtggagggt | ctcaaggcaa | cgctggcccc | acgacggagt | gccaggagca | 180 | |
| ctaacagtac | ccttagcttg | cttctcctct | ccctcctttt | tattttcaag | ttccttttta | 240 | |
| tttctccttg | cgtaacaacc | ttcttccctt | ctgcaccact | gcccgtaccc | ttaccgcgcc | 300 | 25 |
| cgccacctcc | ttgtacccc | actcttgaaa | ccacagctgt | tggcagggtc | cccagctcat | 360 | |
| gccagcctca | tctcctttct | tgtagcccc | caaagggcct | ccaggcaaca | tggggggccc | 420 | |
| agtcagagag | ccggcactct | cagttgccct | ctggttgagt | tggggggcag | ctctgggggc | 480 | |
| cgtggccttg | gccatggctc | tgtgaccca | acaaacagag | ctgcagagcc | tcaggagaga | 540 | |
| ggtgagccgg | ctgcagggga | caggaggccc | ctcccagaat | ggggaagggt | atccctggca | 600 | 30 |
| gagtcctccg | gagcagagtt | ccgatgccct | ggaagcctgg | gagagtgggg | agagatcccg | 660 | |
| gaaaaggaga | gcagtgtcca | cccaaaaaca | gaagaagcag | cactctgtcc | tgcacctggg | 720 | |
| tcccattaac | gccacctcca | aggatgactc | cgatgtgaca | gaggtgatgt | ggcaaccagc | 780 | |
| tcttaggcgt | gggagaggcc | taaggcccca | aggatatggt | gtccgaatcc | aggatgctgg | 840 | |
| agtttatctg | ctgtatagcc | aggtcctggt | tcaagacgtg | actttcacca | tgggtcaggt | 900 | 35 |
| ggtgtctcga | gaaggccaag | gaaggcagga | gactctatcc | cgatgtataa | gaagtatgcc | 960 | |
| ctcccaccgg | gacggggcct | acaacagctg | ctatagcgca | ggtgtcttcc | atttacacca | 1020 | |
| aggggatatt | ctgagtgtca | taattccccg | ggcaaggcgg | aaacttaacc | tctctccaca | 1080 | |
| tggaaaccttc | ctgggggttg | tgaactgtg | attgtgttat | aaaaagtggc | tcccagcttg | 1140 | |
| gaagaccagg | gtgggtacat | actggagaca | gccaagagct | gagtatataa | aggagaggga | 1200 | 40 |
| atgtgcagga | acagaggcgt | cttctctggg | ttggctcccc | gttccctcact | tttccctttt | 1260 | |
| cattcccacc | ccctagactt | tgattttacg | gatattcttg | ttctgttccc | catggagctc | 1320 | |
| cgaattcttg | ctgtgtgtga | gatgaggggc | gggggacggg | cgccaggcat | tgttcagacc | 1380 | |
| tggtcggggc | ccactggaag | catccagaa | agcaccacca | tctaacggcc | gctcgaggga | 1440 | |
| agcaccgggc | ggtttgggcg | aagtc | | | | 1465 | 45 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1488 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cggccggagg agcaggatgg agatccctgt gctgtgcag ccgtcttggc tgcgccgcgc 60
ctgggccccg ttgccgggac ttgcggcgcc cggacgcctc ttgaccagc gcttcggcga 120
ggggctgctg gaggcggagc tggtgcgct ctgccccacc acgctcgccc cctactacct 180
gcgcgcaccc agcgtggcgc tgcccggtgc ccagggtgcg acggaccccg gccacttttc 240
ggtgctgcta gacgtgaagc acttctcgcc ggaggaaatt gctgtcaagg tgggtggcga 300
acacgtggag gtgcacgcgc gccacgagga gcgccggat gagcacggat tcgtcgcgcg 360
cgagtccac cgctgctacc gctgcccgc tggtcggtgat ccgctgcgc tgacgtcgcg 420
gctgtccccg gagggcgctc tgtccatcca ggccgcacca gcgtcgccc aggccccacc 480
gccagccgca gccaaagtgg agggggctgg gccgcgcccg caccocggga gcctcctcag 540
gctccctcta ttaaagccga tctgactccg ccagccaga tgtcccgagt gcgccaaagg 600
ctgtcctctc accactcct ggattctgcc ctgacctcca tcctggacac tgccttgata 660
acatagaccc tccactgac acctcgtc tcagagcccc tcagctttc cgacccaca 720
ccgacaactc ccggcttcc agacctacc agcaactacc taacctcag ccgacagtct 780
cagccccacc gacctactt cttggcatat agccccactt aagacccctc ctctacttcc 840
ttctgagtcc tctacaaaga catccgggta ctacatttcc atcccttccc tattttgaca 900
ccaaattatg gtgtagacag ccctggccca accccaggcc agtcaggcac aatcccccca 960
ccccccaaac gtcttgact gcacagacct cccactccag accatccagg cctgggtcccc1020
aagacccgat ccttccctg caaccagaca gtctacaact gccccctcca gccattttc1080
tgccgtgata cccagccag ccacaccaga ctctggaacc ctttttcgac tgccccaact1140
cttgacacc agccaacta gaacacccaa caccaaactg tacagactct cccaccccaa1200
cctccccaga ctctgcacgg atgtcctagg cccctcccc aactctaacc agaccccatc1260
cccctaagtc ccttctctt gacccccaaag tcttcaacca gatctctcg gcaacccacc1320
tcccacccct cctctctct ctttcaagac ccaactgagc accgctctg attccccaca1380
gcctttctcc ctgcaccac tcccttagtc tttcccaggc ttactctccc aataaatgtg1440
ctagagctct gccaaaaaaa agaaaaaaa gtcgacgcgc ccggaatt 1488

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 783 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

aacatattgt tgaaggttaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggaggga aaaaaaaaaa 60
 aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttgggcatt ttatgttaag120
 ggaagaattc cagggtagtg ccatggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttcagcaaac180
 tcttttccca ctgtttaagg agttagtga ttactgccat tcaattcata atccagtagg240
 atccagtgt ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc cttotcatga tccaactaat300
 gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgccctgaata tttgttatgt360
 agataacaag acctcagtgc cttcctgttt ttcacatttt ccttttcaaa tagggctctaa420
 ctacagcaact cgcttttaggt cagcagcctc cctgaagacc aaaatttagaa tatccatgac480
 ctagttttcc atgcgtgttt ctgactctga gctacagagt ctggtgaagc tcaattctgg540
 gcttcatctg gcaacatctt tatccgtagt gggtaggtt gacactagcc caatgaaatg600
 aattaaagt gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt660
 tccctgcctc tcatcaactg aatgaggtca gcatgtctat tcagcttcgt ttatttttca720
 agaataatca cgctttctctg aatccaaact aatccatcac cgggggtggg ttttaagtgg780
 gct 783

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

tctgttctgt ggacaactgt tactgttctt ccgtggccaa ccatggcggc caccagccct 60
 acccccgtct cgccacttt cctggacag tgccctcgca ggagtactca caccgctcc 120
 cgcccacacc ctccgtcccc cagtccttc ccagcctggc ggtcagagac tggcttgacg 180
 cctcccagca gcccgccac caggatttct acaggggtga tgggcagccg tccaccaaac 240
 actacgtgac gagctaacgc cagcaggcg gggggcgct ggggaatctt cctccccagc 300
 ccccggtctc gggagttagt catccagaga cctgcccttc taccttctc gctccccctc 360
 ttctcattc cattgcccc ggtcttttcc ttttggattt tgttttggtt ttggctttgt 420
 ttttgattt tttttattat gaatctctg gacgcagagg tgacagtggg agctggcctg 480
 ggccaggacg gcaggtggcc ctggagatgg gaaagtgtct gtgtcgaggc gctgagctct 540
 ctctctgttt ctcccttttt ccttactcc ttccccctca cccccctg gctggaagga 600
 acctcggtt ccctgaaagc ttgggggtcc cacccttctt accccaccg ggaggaacgc 660

DE 198 18 620 A 1

```

ccaggggcccc gggcttgttt ctctcttctgt tttctttttg ggcagtttga tcaatgatcg 720
agtaaggaat gaccttttaga ttgtgcgact tttgtttttg ttttttttaa ttttttttaa 780
ccaagaatga tttctctctgc ttctctctcc tcaccatctt cccagacgga gttcaaaggc 840
5 cacttctcaa gcagcttttg gcaccttcag cctcagagtg gaatctttta aagacaggac 900
ccctatgtcc aggaagggg aaaaggaact ttgccaatga tagtgaccac agcaaaagca 960
aataataata atattaataa taataaaaga gaaaaaaaaa aatagaataa aaaaccaata 1020
gcacagcccc ttgttgaagg tccag
1045

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1386 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

```

cacactcact gcccatgaag gaagaggggg caagtgtacc gaggaagggg atgcctcaca 60
gcaagagggc tgcaccttag gttctgacct catctgcctc agtgagagcc aggtttctga 120
45 ggaacaagaa gagatgggag ggcaaacgag cgcggcccag gccacggcca gtgtgaatgc 180
agaggagatc aaggtagccc gtattcatga gtgtcagtg gtggtggagg atgctccaaa 240
cccgatgtc ctgctgtcac acaaagatga cgtgaaggag ggagaagggt gtcaggagag 300
tttcccagag ctgcccctag aggagtgaag gggacaattt ggctgaagtc tttctctgaa 360
aaaagccaaa gggttatagg ggtacactta ggggttgcat gcaagctgtt accaaaaaat 420
50 ttttaagtat tttcttaatt tgaataataa aaccagagga aatgcataca gggcatgagc 480
aactgaggca aacctttgtg gacatgaatt gttctacgat gaatttttgc tttagtattt 540
taataagaat tacaaagaca atggcatact tggggtgaga gggagctgag gatgtctgag 600
gaggggaatag tattgcaggg aagactgaga aaacagtagg atgacagttt tgagtatact 660
ctgcactttt caattgtgca atcttcttgt gcactttaag gctttttaat tttgtttgag 720
55 aatgcaaatg tatactgtaa gtctaccttt actatctact atgcctactt caccatctct 780
taaggactcg gcattttgtc acagtcagac tgcgaagagag ggtagggtcat gaacagtcac 840
ccgtgctggc ttagcctccc acagaggcaa tcatgcccaa tagattcaag agaagctaag 900
cggaaatgga ggggtgaagg tgtgatctgt gggactgtct gggcctgtta ctcatcctgc 960
tatcaatttc ttattaatta atcttgatga ttcttattaa ttaatcacat ttgcaggaaa 1020
60 ttcagatgag gcaagaaaaa tttattggcc tgggtaagac tgaaagcatt ccaattagg 1080
cttagactgt gcaaaaggct tagctaagtt atcagctta aaaccgtca attaaacaa 1140
cattatttga acagttactg catgccacgc actgtgttgg gcttagtaat aaaaaaaga 1200
aaagataagt gcttgttcta gcataaatta aaaggtccaa gggaaattta tctggaagag 1260
aacatatgcc aattttttaa ctatgacagc ttttttttcc tctttccatt caaataggcc 1320
65 cgggttcagt cccagaaggg cacaaaatga atgaataaat aaataaatga ataaagacaa 1380
aaaaaa
1386

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1747 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113 30

```

ccagtctgtg agcccttgtc ctgtgggtcc ccaccgtctg tcgccaatgc agtggcaact 60
ggagaggcac acacctatga aagtgaagt aaactcagat gtctggaagg ttatacgatg 120
gatacagata cagatacatt cacctgtcag aaagatggtc gctgggtccc tgagagaatc 180
tcctgcagtc ctaaaaaatg tcctctcccc gaaaacataa cacatatact tgttcatggg 240
gacgatttca gtgtgaatag gcaagtttct gtgtcatgtg cagaagggta tacctttgag 300
ggagtttaaca tatcagtatg tcagcttgat ggaacctggg agccaccatt ctccgatgaa 360
tcctgcagtc cagtttcttg tgggaaacct gaaagtcag aacatggatt tgtggttggc 420
agtaaataca cctttgaaag cacaattatt tatcagtgtg agcctggcta tgaactagag 480
gggaacaggg aacgtgtctg ccaggagaac agacagtggg gtggaggggt ggcaatatgc 540
aaagagacca ggtgtgaaac tccaattgaa tttctcaatg ggaaagctga cattgaaaac 600
aggacgactg gacccaacgt ggtatattcc tgcaacagag gctacagtct tgaagggcc 660
tctgaggcac actgcacaga aaatggaacc tggagccacc cagtccctct ctgcaaaaca 720
aatccatgcc ctgttctctt tgtgattccc gagaatgctc tgctgtctga aaaggagttt 780
tatgttgatc agaatgtgtc catcaaatgt agggaagggt ttctgtgca gggccacggc 840
atcattacct gcaaccccg aagacgtgg acacagacaa gcgccaaatg tgaaaaaatc 900
tcattgtgtc caccagctca cgtagaaaat gcaattgctc gaggcgtaca ttatcaatat 960
ggagacatga tcacctactc atgttacagt ggatacatgt tggaggggtt cctgaggagt 1020
gtttgtttag aaaatggaac atggacatca cctcctattt gcagagctgt ctgtcgattt 1080
ccatgtcaga atgggggcat ctgccaacgc ccaaatgctt gttcctgtcc agagggctgg 1140
atggggcgcc tctgtgaaga accaatctgc attcttccct gtctgaacgg aggtcgctgt 1200
gtggccctt accagtgtga ctgcccgctt ggctggacgg ggtctcgctg tcatacagct 1260
gtttgccagt ctccctgctt aaatggtgga aaatgtgtaa gaccaaaccg atgtcactgt 1320
ctttcttctt ggacgggaca taactgttcc aggaaaaggga ggactgggtt ttaaccactg 1380
cacgaccatc tggctctccc aaaagcagga tcatctctcc tcggtagtgc ctgggcatcc 1440
tggaacttat gcaaagaaag tccaacatgg tgctgggtct tgtttagtaa acttgttact 1500
tggggttact ttttttattt tgtgatatat tttgttattc cttgtgacat actttcttac 1560
atgtttccat ttttaaatat gcctgtattt tctatataaa aattatatta aatagatgct 1620
gctctaccct cacaataatg acatattctg ctgtctattg ggaaagtcc tggtacacat 1680
ttttattcag ttacttaaaa tgatttttcc attaaagtat attttgcac taaataaaaa 1740
aaaccgc
1747

```

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1526 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

cgagcccaca ggccccggag tagcagcggg gaggcggga gcccgcgggc cggagccggc 60
cggccgaggc gtgggggctg cggggccggc ccatccgtgg gggcgacttg agcgttgagg 120
gcgcgcgggg aggcgagcca ccatgttcag ccagcagcag cagcagcagc tccagcaaca 180
gcagcagcag ctccagcagt tacagcagca gcagctccag cagcagcaat tgcagcagca 240
gcagttactg cagctccagc agctgctcca gcagtcacca ccacaggccc gttgccatgg 300
tgtcagcggg ggtcccccgc agcagccaca gcagcggctt ctgaatctcc agggcaccaa 360
ctcagcctcc ctctcaacg gctccatgcg gcagagagct ttgcttttac agcagttgca 420
aggactggac cagtttgcaa tgccaccagc cacgtatgac actgccggtc tcaccatgcc 480
cacagcaaca ctgggtaacc tccgaggcta tggcatggca tccccaggcc tcgcagcccc 540
cagcctcaca cccccacaac tgccactccc aaatttgcaa cagttctttc cccaggccac 600
tcgccagtc ttgtgggac ctctctctgt tggggtcccc atgaaccctt cccagttcaa 660
cctttcagga cggaaccccc agaaacaggc ccggacctcc tctctacca ccccaatcg 720
aaaggattct tcttctcaga caatgcctgt ggaagacaag tcagaccccc cagaggggtc 780
tgaggaagcc gcagagcccc ggatggacac accagaagac caagatttac cgcctgccc 840
agaggacatc gccaaaggaa aacgcactcc agcacctgag cctgagcctt gtgaggcgtc 900
cgagctgcca gcaaagagat tgaggagctc agaagagccc acagagaagg aacctccagg 960
gcagttacag gtgaaggccc agccgcagge cggatgacag taccgaaaca gacacagaca 1020
ccagacctgc tgcctgagge cctggaagcc caagtgcctc cagattcca gccacgggtc 1080
ctgcaggctc aggccagggt gcagtcacag actcagccgc ggataccatc cacagacacc 1140
cagggtgcagc caaagctgca gaagcaggcg caaacacaga cctctccaga gcacttagtg 1200
ctgcaacaga agcagggtgca gccacagctg cagcaggagg cagagccaca gaagcagggt 1260
cagccacagg tacagccaca ggcacattca cagggcccaa ggcagggtgca gctgcagcag 1320
gaggcagagc cgctgaagca ggtgcagcca caggtgcagc cccaggcaca ttccacagcc 1380
cccagggcag gtgcagctgc agctgaggaa gcaggtccag acacagactt ttccacaggt 1440
gcacacacag ggcacagcca agcttccagg cacagggagc ttcttccggg cgcgggtgtt 1500
agtttcaggc caccaggggc agggcc
1526

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1205 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

25

```

cccgagaaaa accaatttaa tgcttctgtt ctacagcattt cacagcatgc aggactcaaa 60
tggatacaac agaagaaaaac aaccacacaat ttttggaaaa ccctttgtcc aatgattcat 120
atthttgatat ctattgacaa tcccttagaa ctttaaatct caaaaacaaa aaagtactgt 180
ggatctccct cgagccgaat tcggtctgag ggcgggcacc tggagatgag aaaggccgcg 240
ggggggggacc atgtgcctgt gtccacagag cagccgagag gcggggagga cgctgctgcc 300
caggagccca gccagaggcc agagccagag ctggggctca aacgagctgt cccggggggc 360
cagaggcccg acaatgccaa gcccaaccgg gacctgaaac tgcaggctgg ctccgacctc 420
cggaggcgac gccgggacct tggccctcat gcagagggtc agctggcccc gagggatggg 480
gtcatcattg gccttaaccc cctgcctgat gtccagggtg acgacctccg tggcgccctg 540
gatgccagc tccgccaggc tgcgggggga gctctgcagg tggccacag ccggcagctt 600
agacaggcgc ctgggacctc agaggagtcc tagcacctgc tggccatgag ggccacgcca 660
gccactgccc tcctcgccca gcagcaggtc tgtctcagcc gcacccagc caaactctgg 720
aggtcacact cgcctctccc cagggtttca tgtctgaggc cctcaccaag tgtgagtgc 780
agtataaaaag attcactgtg gcctcgtttc cagaatgttc ttgctgtcgt tctgttgag 840
ctcttagtct gaggtcctct gacctctaga ctctgagctc actccagcct gtgaggagaa 900
acggcctccg ctgcgagctg gctgggtgcac tcccaggctc aggtcgggga gctgctgcgt 960
ctgtgggtcag gcctcctgct cctgccaggg agcacgcgtg gtcttcgggt tgagctcggc 1020
cgtgcgtgga ggtgcgcatt gctgctcatg gtcccaacac aggtactgt gagagccagc 1080
atccaaacccc acgcttgagc tgactcagaa tgataattat tatgactgtt tctgatgct 1140
tccacagtg tggtagaaag tcttgaataa acacttttgc cttcaaaaaa aaaaaaaaaa 1200
aaaaa

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

- (A) LÄNGE: 3968 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

15  ggtattttcta aaacataaag aggagaatta agtcagctgc agaacaatgg ggctgattct 60
    tctgcttttt ctctggaaaa tctttcattg cttttgggtg aaatttacct agaggttaca 120
    accacaggat gtagcttggt ctcttatttg cctttttggg aaaccaatta agattaatac 180
    aggataaagg aaaaaagcaa tctatttcatt atataacaca gttgtttgta ttacttgttc 240
20  cctgcaaagg aaatctgttg aatgcttgca ttttgaattc ttttctaata gaacaaccaa 300
    aaaaggcttc ttatgggtgca gcaggaaaaa agatcatttt tatagctttg cattcttaac 360
    atagcattta aagagcgcca tgaattagag gaaagacatg gaacacacag gtagtcggtt 420
    tgagatcctc ggcttaaaag tctcctagga tggtaatgac ccagaagtat ttccagttgt 480
    ctagtgggtg ggtatgcagg aatgagaagt gttttctttc catttctgtt tggacaggtg 540
25  gcaatcttag cagagccact atttggagtt gataactaaa gatgcaaata acatgactat 600
    gccttctggt cctcctagga ctatttggag ttctccaaaa ccttgtaaga ggcattgtcag 660
    gcattgcagta aaagcatcta caacttcagc tgggcactgg cagcataggt ctcatcttgg 720
    accatacagt ccacttttat agaagagggt ggaagttctc caaaacaata tccacaacaa 780
    agtctgacct cactctgagg gagatgggaa gtgggaggaa gaaggactaa ccagctccct 840
30  ggagtaagag gaatttgctt tccctgtctg ccaccaggg gctatatgtg ccacctttca 900
    ggttggggcc aaggaagtga tgtcagtggt acagaaggga gagtttagacc tccagacgtc 960
    agcctccctc ccatggggta cattttcaat ctgagtggtt ttgccttagc tgtgttggtta1020
    ttagcttgat tggttggtcc gctggttatg aggtgtaggg aggcagtttt tgttttagttt1080
    ttaggacttt gcctcttcct ttgtccttag cataatttct aggcagagca tccacgaagt1140
35  cggttttcat tgccagctca agagcgacaa tcatttacga gttcctatgt tatgttaggt1200
    gccttatgta tattatccca aatccactgc atggtttaaa tacaggcact ggaatataaa1260
    tgaaaaaggt cattacagtc actgacttct tgcaggacct taaacatttc tctttccaca1320
    agtttccctt taatcattgt tcaaacctct ctctctgacg ggaatgttgt gctataatga1380
    atctgcataa cgcttgggat tctaggagga aggaagggtc catggacatg taagtacagc1440
40  atattccctc cagtcttcta ggagggcaga gtgaatccca gaactggtaa gattgggaat1500
    ctgagcattg ccactttaat cttagaatat ttatcatttt gacacatcct gttttttaga1560
    gagggaaaaca aacacagttt ctgcattggt agtgtaaaagc atacctgtt aggaacgtgt1620
    tttgtaagac acatttgggt tgtcattcta gagcatgtca aactttgtac ttcaaaatat1680
    atttagtatg attgttagtg gtaacatata tcaaggcttt gaattaactg ttttatttaa1740
45  ttttcacaag aagcacttat ttttagccata ggaaaaccaa tctgagctac aaatagttct1800
    ttaaaataag ccaggttat ttagctattc tagaaagtgc cgacttcttt caagaagcag1860
    gcattgtagg acagctgaga attatcacat agcctaaatt ctagcctggc agcaagagtc1920
    acatctgaga tgtccaaaaa aaaaaaaaaa aaacacctga tctacattga aagggggtag1980
    actaacgtat gtgagaccat tttcctattt gcagttacaa ggttaaagaa ctttgaagggt2040
50  cattcggtcg ctaagaggca tgtcgaacac tctgtgtggc tctttcacag taaacctcc2100
    taagagcaga agacacatgg ctggttagtg ctgctgttag atttaatttc tcaaataaag2160
    gcccttggct gcgtatcatt tcatccagtt ataaactagg gctcctgcaa gcacccccat2220
    tctaaagggtg aattattgaa atcagttgct atttgatgag tcacaactgg ccagcaggc2280
    agggcatttg aagtcattgt catcaaaaag aaatgattgt tttttgaaaa gctaaatgct2340
55  taaaatgctt ctagagggaa gtcgtggggc gtgtgctcat tctctttaaa atcaggggtg2400
    ttgagtttgt ttttaaacat ttttataagt tctatagaaa aaatatataa atttctaaga2460
    ccaacactgt attcccagaa acatgaccct cgctggtctt ggggtccacat atcattggac2520
    tctgggggac acaaagatgc ctgtgacact ttggtgttgc cgagttagtc aacaattatt2580
    ctgggaaaaa gcagaattga attcttctct agatgtccta ccagggttgg ccaagggcca2640
60  caaagcaggc taataaattc ccacaggatc cagacaccag gcaaaattgc tctaagaagc2700
    cagttactgt catccctcta tggttctaga aaaaatagta caaaaatgac aggtcatcct2760
    atgagcgtca tgccaatgaa accccatctt ctggagaagc ccttgaatca gaattatctt2820
    ttttcttgat gtcgtcagat gcagccagtt tcttaatttt tttaaaaact gtatgtttct2880
65  gtggtatgta tatttgatca cctaactacc tggcacttgg aaatcacagc actactcaga2940

```

DE 198 18 620 A 1

```

ggcaattgaa taaagagaaa ttaatttta aatatcaagt cctgtcaaac atttctaaa3000
cttctgattt tatcaaagggt ttgccagcca ataaagtgc tccaagtat acaggggaga3050
aagctagact cctacaggggt cctagagttt aagtaatttt tttgttatta atataggtaa3120
taatttttct aattttttatt ttttggttcc aaatgtaaaag ctccctgtgt ttacctctgt3180
ttatgtcatt cttgacatgt ttatctaaat tatgtgtgct ctgtgacagg tgaaatgtaa3240
atctgggatc catagtcaag atatcataag gacctacttc ccagcctacc tttcttcttc3300
tacctgataa tgataatact caaaataaca acattcaaaag gaaacacaaa gaaatcctgc3360
tttcacatct cctatttctt gggctcctta ataactactg atgggtttgtt catgaaaaaa3420
aatttttaaa tcaaaagatt gtacttggcc ctgagttgaa aaaatttcaa aaatcaaaag3480
tttgacttg gccctgagtt gaaaaaaa attcacattc taagaataaa cagaaaaatg3540
ttcttcttgg aagtaaataa caaaagccat agtgttttca tttgtctttt cttcaggata3600
cacggtagaa gtcagagaat ctttgatact tttatttggg gcaataatca aggccatgca3660
acaaccacaa atcaagcatt ttggttcaag tcaggatgac atgagtgggg acagaagctg3720
tggcagtcac tcaataatc tcatgggtcc tgaggaaaag acaggagtta acgtattaag3780
tttctactat atgcaggaac tgtgttaaat attttacata agttttgata atagctaaca3840
ttagctgagc acaaaatttg ggcctgatt tgtgctgagt atctttcaca gattactgct3900
tttaatcagc agtccttgtg agctaggtat gatcattatc cccatttata gattacggat3960
gagattcg

```

5

10

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

50

```

gtaatgggaa atttgggtgtg ctgaatcttc ttcttaggat attgatatat tccacgcttc 60
tagtggggtat tctgggaatt ttaccctgct cagtatttgc ctaggggtac tagaaagagg120
agattgtcca aacttagcag tatggtccat ctogtgtaga agtggaatg tcatacagga180
tagcaaacac tcttggttcc tttttgccc ggtttgccc gagccggcaa cagcaacaaa240
atgtggagga tgcaatgaaa gagatgcaaa agcctctggc ccgctatatt gatgacgaag300
atctggatag gatgctaaga gaacaggaaa gagaggggga ccctatggcc aacttcatca360
agaagaataa ggccaaggag aacaagaata aaaaagttag acctcgctac agtgggtccag420
cacctcctcc caacagattt aatatctggc ctggatatcg ctgggacgga gtggacagat480
ccaatggatt tgaacagaag cgctttgcca ggtttgccc caagaaggca gtggagggaac540
ttgcctacaa atggagtgtt gaggatatgt aactttcctg aggtgtgtgg ggtggctggg600
ctgtggtagt gggcataggc agcgagatat ccagtgtgtaa cagtgtctg tgctaataat660
tggagcccac acagaccagc aacttgttga atgccagttt tgaccacaga agaataattcg720
agacctgatg tttggattga ggtacctgta cttcttgggg tgttgacagc agcgggtgtt780
ggtgggtttt_cagaggaa

```

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1068 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

ccccctctctg  tgactcagtc  tctgagcgtt  ttaatacgtat  ggtgtccccc  cgggatcaaa  60
cttcagcgtc  acagctgagg  actggcttcg  tggtcctga  tgggagagca  tgaacaggtg  120
gtatgtgaag  cccttggaag  ccagctcttc  caaagtcaaa  gccagacca  ttgtgatgat  180
tcccgactcc  cagaagctcc  tgcgatgtga  acttgagtca  ctcaagagcc  agttacaggc  240
ccagaccaag  gctttcgagt  tctgaacca  ctcagtgacc  atgttgagga  aggagagctg  300
cttgacgcaa  atcaagattc  agcagcttga  agaggtgctg  agccccacag  gccgcaggg  360
agagaaggag  gagcacaagt  ggggcatgga  gcagggccgg  caggagctgt  atggggccct  420
gaccaaggc  cttcaggggc  tggagaagac  cctgcgtgac  agtgaggaga  tgcagcgggc  480
ccgcaccact  cgctgcctgc  agctgctggc  ccaggagatc  cgggacagca  agaagttcct  540
gtggaggagg  ctggaactgg  tgcgggagga  ggtgaccttc  atctatcaga  agctccaagc  600
gcaggaggat  gagatctcag  agaacttgg  gaacattcag  aaaatgcaga  aaacgcagg  660
gaaatgccgc  aaaatcctga  ccaagatgaa  gcagcagggt  catgagacag  ccgctgtcc  720
ggagactgaa  gagataccgc  aggagccagt  ggctgctgga  aggatgacct  ccagaaggaa  780
ctgagtgata  tatggtctgc  tgtgcacgtg  ctgcagaact  ccatagacag  cctcactttg  840
tgctcggggg  cctgtcccaa  ggcctcgagc  ctaagaggcc  acaaggggca  ccagtgcctg  900
agccctccac  tccctcctg  ggactctgac  tccgactctg  accaggacct  ctcccagcca  960
cctttcagca  agagcgcgcc  ccccttccca  cccgcttgag  cagccgggac  tgctctccct  1020
gaagaccct  ccagagagaa  aataaactag  cccagaccct  cctctaaa  1068

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 4584 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

15

ctcgagccgc tgcgagccgc gaagtaattc aagatcaaga gtaattacca acttaattgtt 60
 ttgtcattgg actttgagtt aagattatct tttaaatcct gaggactagc attaattgac 120
 agctgaccca ggtgctacac agaagtggat tcagtgaatc taggaagaca gcagcagaca 180
 ggattccagg aaccagtgtt tgatgaagct agggcttggg gcaagagggc aagcagcagt 240
 tgggtggtgaa gataggaaaa gagtccagga gccagtgcga tttggtgaag gaagctagga 300
 agaaggaagg agcgctaacg atttgggtgg gaaaagagga attgggagtg gtaggatgaa 360
 acaatttggg gaagatagaa gtttgaagtg gaaaactgga agacagaagt acgggaaggc 420
 gaagaaaaga atagagaaga tagggaaatt agaagataaa aacatacttt tagaagaaaa 480
 aagataaatt taacactgaa aagtaggaag cagaagaaaa aagacaagct aggaaacaaa 540
 aagctaaggg caaatgtac aaacttagaa gaaaatttga agatagaaac aagatagaaa 600
 atgaaaaat tgtcaagagt ttcagataga aaatgaaaaa caagctaaga caagtattgg 660
 agaagtatag aagatagaaa aatataaagc aaaaaattgg ataaaaatgc actgaaaaaa 720
 tgaggaaatt attggtaac aatttatctt aaaagcccat caatttaatt tctggtggtg 780
 cagaagttag aagctaaagc ttgagaagat gagggtgttt acgtagacca gaaccaattt 840
 agaagaaac ttgaagctag aaggggaagt tggttaaaaa tcacatcaaa aagctactaa 900
 aaggactggt ttaatttaaa aaaaactaag gcagaaggct tttggaagag ttagaagaat 960
 ttggaaggcc ttaatatag tagcttagtt tgaaaaatgt gaaggacttt cgtaacggaal1020
 gtaattcaag atcaagagta attaccaact taatgttttt gcattggact ttgagttaa1080
 attatttttt aatccttgag gactagcatt aattgacagc tgaccaggt gctacacaga1140
 agtggattca gtgaatctag gaagacagca gcagacagga ttccaggaa cagtgtttga1200
 tgaagctagg actgaggagc aagcagcaa gcagcagttc gtggtgaaga taggaaaaga1260
 gtccaggagc cagtgcgatt tgggtgaagga agctaggaag aaggaaggag cgctaacgat1320
 ttgtgtgtga agctaggaaa aaggattcca ggaaggagcg agtgcaattt ggtgatgaag1380
 gtgacagcgc qcttqcttg gcaaccacac ggaaggagcg agcaggcgtt gtgcgtagag1440
 gatcctagac cagcatgcc a gtgtgccaa gccacaggga aagcagtggt ttggtaaaaa1500
 tccgtgaggt cggcaatatg ttgtttttct ggaacttact tatggttaacc ttttatttat1560
 tttctaataa aatgggggag tttcgtactg aggtgtaaa ggtttatat ggggacgtag1620
 gccgatttcc ggtgttgtga gttttctctt ttccaggctt atactcatga atcttctctg1680
 aagcttttga ggcagagta ccaagtctct gagaaatagt agatggcaag tttgtgggtt1740
 tttttttttt acacgaattt gaggaaaacc aaatgaattt gatagccaaa ttgagacaat1800
 ttcagcaaat ctgtaagcag tttgtatgtt tagttggggt aatgaagtat ttcagttttg1860
 tgaatagatg acctgttttt acttcctcac cctgaattog ttttgtaaat gtagagtttg1920
 gatgtgtaac tqagccgggg gggagttttc agtatttttt tttgtggggg tgggggcaaa1980
 atatgttttc agttcttttt ccttaggtc tgtctagaat cctaaaggca aatgactcaa2040
 ggtgtaacag aaaacaagaa aatccaatat caggataatc agaccaccac aggtttacag2100
 tttatagaaa ctagagcagt tctcacgttg aggtctgttg aagagatgtc cattggagaa2160
 atggctggta gttactcttt tttccccc a ccccttaat cagactttaa aagtgttaa2220
 ccccttaaac ttgtattttt ttacttgaag cattttggga tggctctaac agggaagaga2280
 gaggggtggg gagaaatgt ttttttctaa gattttccac agatgctata gtactattga2340
 caaactgggt tagagaagga gtgtaccgct gtgctgttgg cagcaaacac ttcagggact2400
 ggagctgctt ttatccttgg aagagtattc ccagtgaag ctgaaaagta cagcacagt2460
 cagctttggc tcatattcag tcatctcagg agaacttcag aagagcttga gtaggccaaa2520
 tgttgaagtt aagttttcca ataattgtgc ttcttaaaag ttttattaaa ggggaggggc2580
 aaatattggc aattagttgg cagtggcctg ttacggttgg gattggtggg gtgggtttag2640
 gtaattgttt agtttatgat tgcagataaa ctcatgccag agaacttaaa gtcttagaat2700
 ggaaaaagta aagaatatc aacttccaag ttggcaagta actccaatg atttagtttt2760
 tttcccccca gtttgaattg ggaagctggg ggaagttaaa tatgagccac tgggtgtacc2820
 agtgcattaa tttgggcaag gaaagtgtca taatttgata ctgtatctgt tttccttcaa2880

DE 198 18 620 A 1

```

    agtatagagc ttttggggaa ggaaagtatt gaactggggg ttggctctggc ctactgggct2940
    gacattaact acaattatgg gaaatgcaaa agttgtttgg atcaggttagt gtgtggttct3000
    cttttggaat ttttttcagg tgatttaata ataatttaaa actactatag aaactgcaga3060
5   gcaaaggaag tggcttaatg atcctgaagg gatttcttct gatggtagct tttgtattat3120
    caaacttttt tcagataaca tcttctgagt cataaccagc ctggcagtat gatggcctag3180
    atgcagagaa aacagctcct tggatgaattg ataagtaaag gcagaaaaga ttatatgtca3240
    tacctccatt ggggaataag cataaccctg agattccttac tactgatgag aacattatct3300
    gcatatgcc aaaaaatttta agcaaatgaa agctaccaat ttaaagttac ggaatctacc3360
10  attttaaagt taattgcttg tcaagctata accacaaaaa taatgaattg atgagaaata3420
    caatgaagag gcaatgtcca tctcaaaaata ctgcttttac aaaagcagaa taaaagcgaa3480
    aagaaatgaa aatgttacac tacattaatc ctggaataaa agaagccgaa ataaatgaga3540
    gatgagttgg gatcaagtgg attgaggagg ctgtgctgtg tgccaatgtt tcgtttgct3600
    cagacaggtt tctcttcggt atcagaagag ttgcttcatt tcatctggga gcagaaaaca3660
15  gcaggcagct gttaacagat aagtttaact tgcactctgca gtattgcatg ttagggataa3720
    gtgcttattt ttaagagctg tggagttcctt aaatatcaac catggcactt tctcctgacc3780
    ccttccttag gggatttcag gattgagaaa tttttccatc gagcctttttt aaaattgtag3840
    gacttggtcc tgtgggcttc agtcatggga tagtacactt cactcagagg catttgcatc3900
    tttaaataat ttcttaaaag cctctaaagt gatcagtgcc ttgatgcaa ctaaggaaat3960
20  ttgttttagca ttgaatctct gaaggctcta tgaaaggaat agcatgatgt gctgttagaa4020
    tcagatgta ctgctaaaat ttacatgttg tgatgtaaat tgtgtagaaa accattaaat4080
    cattcaaaat aataaactat ttttattaga gaatgtatac ttttagaaa ctgtctcctt4140
    atttaataaa aatagtgttt gtctgtagtt cagtgttggg gcaatccttg gggggattct4200
    tctctaactt ttcagaaact ttgtctgcga acactcttta atggaccaga tcaggatttg4260
25  agcggaaaga cgaatgtaac ttttaggcag gaaagacaaa ttttattctt cataaagtga4320
    tgagcatata ataattccag gcacatggca atagaggccc tctaaataag gaataaataa4380
    cctcttagac aggtgggaga ttatgatcag agtaaaaggt aattacacat tttatttcca4440
    gaaagtcagg ggtctataaa ttgacagtga tttagagtaat actttttcac atttccaaag4500
30  tttgcatgtt aacttttaaat gcttacaatc tttagagtgtt aggcaatgtt ttacactatt4560
    gaccttatat agggaaaaaga tgag                                     4584

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 982 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

    gtggagggga cctgtgtggt agcagcagct atcgagcgt cggtgttca gagcagcaga 60
    agccggcgct gtcggatgtt gtgttgcccg ccaccatgag ctacacaggc tttgtccagg120
    gatctgaaac cactttgcag tcgacatact cggataccag cgctcagccc acctgtgatt180

```

DE 198 18 620 A 1

| | | | | | | | |
|------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|----|
| atggatatgg | aacttggaa | tctgggacaa | atagaggcta | cgagggctat | ygctatggct | 240 | |
| atggctatgg | ccaggataac | accaccaact | atggglatgg | catggccact | tcacactctt | 300 | |
| gggaaatgcc | tagctctgac | acaaatgcaa | acactagtgc | ctcgggtagc | gccagtgccg | 360 | |
| attccgtttt | atccagaatt | aaccagcgct | tagatatggt | gccgcatttg | gagacagaca | 420 | 5 |
| tgatgcaagg | aggcgtgtac | ggctcagggt | gagaaaagta | tgactcttat | gagtcctgag | 480 | |
| actcgagggc | cgtcctgagt | gagcgcgacc | tgtaccggtc | aggctatgac | tacagcgagc | 540 | |
| ttgagcctga | gatggaaatg | gcctatgagg | gccaatacga | tgccatccgc | gaccagttcc | 600 | |
| gcatgcgtgg | caacgacacc | ttcgggtcca | gggcacaggg | ctgggcccgg | gatgcccgga | 660 | |
| gcgcccgccc | aatggccgca | ggctatgggc | gcatgtggga | agaccccatg | ggggcccggg | 720 | 10 |
| gccagtgcac | gtctgtgtgc | tctcggttgg | ccctccctct | tctccagaa | catcatcccc | 780 | |
| gagtacggca | tggtccaggg | gcatgcgagg | ttggggcgcc | ttcccgggcg | gcttcccggt | 840 | |
| ttggttttgc | ggtttgcaa | tggcatgaag | cagatgaggg | cggactggga | agacggggac | 900 | |
| cacagccgat | ttgcaacca | agaagaagaa | gagaaagcag | ggcggcattc | tgattgagcc | 960 | |
| agttagcaaa | gcagccgga | tt | | | | 982 | 15 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 742 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

| | | | | | | | |
|------------|------------|-------------|------------|------------|-------------|-----|----|
| ctcaacttgc | cacgactgcg | tgccctcaagc | cgacgcagcg | gcctactctc | gcactgcaga | 60 | |
| cggggaaact | gaggcccgcg | gcggccgggg | tggggcagac | ctcccggcga | gcccagagccc | 120 | 50 |
| ccgccccggg | ctagccccgc | cctggcccgt | aagaagcacc | cggggcgcca | ggcgaaggcg | 180 | |
| cacagcgccg | ggccaggctg | ggtccagcag | cgcgatggca | gctcagcgcc | tgggcaagcg | 240 | |
| cgtgctgagc | aagctgcagt | ctccatcgcg | ggcccgcggg | ccagggggca | gtcccggggg | 300 | |
| gctgcagaag | cggcacgcgc | gcgtcaccgt | caagtatgac | cggcgggagc | tgacgcggcg | 360 | |
| gctggacgtg | gagaagtggg | tcgacggggc | cctggaggag | ctgtaccgcg | gcattggaggc | 420 | 55 |
| agacatgccc | gatgagatca | acattgatga | attgttgagg | ttagagagtg | aagaggagag | 480 | |
| aagccggaaa | atccagggac | tcctgaagtc | atgtgggaaa | cctgtcgagg | acttcacca | 540 | |
| ggagctgctg | gcaaagcttc | aaggcctcca | caggcagccc | ggcctccggc | agccaagccc | 600 | |
| ctcccacgac | ggcagcctca | gccccctcca | ggaccggggc | cggactgctc | acccctgacc | 660 | 60 |
| ctcttgcact | ctccctgccc | cccggacgcc | gccagcttg | cttgtgtata | agttgtattt | 720 | |
| aatggttctg | taacaataaa | aa | | | | 742 | |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```

30 gtttggaacaa gttgtttttaa taggaaatag acctgcgtgc ttcataaggtt tcctcaacca 60
   cctttctctca gctttctttaa aatgggatct acattggctc ttcacaccca aatagcagac 120
   taatcggtttt tctgcttagc accgtctggg tcatgtctct gaactctgcc ttacagcagc 180
   aagaaaaatit tctctgataa gaacctcaat ctttagttcc attgagctcc ccctctggat 240
   tttggactta ccagaagtag gaggttctga taccattcaa gatgggtcttt ccttcaaagc 300
   aggtctgaag aggagactac caaagcagtg ttacaaaacc cagagtccac acaaccatat 360
35 tgcatagaac agcacttggc ttccacaagc ctctacagg acctgggtga attggagtga 420
   aagggcagag acctggaag tggaggtggc tgtgtgctgc gatgggaaga aggcagaagg 480
   cccaggggct ttggacatag agcagggtgg aagctgcaag tactgggaag gaagagagtt 540
   tcacagaaac aaagctllgt cacacagaaa tgagttctgt ctactgggtg acttcatccc 600
   tcaggctcca gctgagcaga gattttaatc agcttctcta atgggtattg aactgctca 660
40 ggaagcagta caccctgtca gggacagta ttgatctttt gtgtctgat tagattggaa 720
   aatagatcaa ctctattgta gtccaggaa tgttgggtcac agctactagg aatgaggtga 780
   tttctgaggg ctgagaaaaa acacagaatc ttggccagca gccagcagct gcatgggtga 840
   agatgattc acttctcctt tgagagttgg ggttgagggc aaacatagaa cccaggtttg 900
45 gcttacaacc cagtgtcccg gaagccctcc ttccggagaa ctgtaagtaa gaggtgggtg 960
   tgtctaaaga caataccatt aatgaatgtt ctggccttac ctaaaaaggt ttagcaattt1020
   ggggataact cttggatcta gcttatgtgc gttcacatgc acatttgcta gccagagct1080
   tttaaaatga ggtctggcat atacttgatt acaaatgaaa actcagaaac caattttatt1140
   tattaaatca tatcttttgt ttttccccct ccttctaat ccccaaaagg acctatttga1200
50 gctgttcccc aattcatctg ctatttttgg accatgaatc tgccagagtg atattttctg1260
   ttattttctcc tccaaatttt tccctgatgt ttccaataaa gatttacttg ggtggcccc1320
   taaggtgaca tcaggatgct ctatgtcct tcagaataa gcatacactt cactcctctc1380
   cctttcatct cctctctgca tcttaattcc ttgcttttct cacttgagc cgaggggtgt1440
   ttagagaggt cgttttccat gaatcagcca agattctgt agaagttggg tatacctatt1500
55 ccagtttcaa agctcctcgg ctatgcta atgtccctcag agatgaggtt tgacttttag1560
   gccggtatga ctcctccata gcttgcccaa ggagaccatg agtagccatg tctggtttac1620
   tctttatcct cagactgttt gtttatagct taaaacagaa gtgtgtcttc ccagcacaaa1680
   cctaatcaat cagtgtatca gtgcattcgg tggcaacagc tcagccatt caaagagcaa1740
   ggattcagga aaggcacact gatgggtggg agcctcttaa gagcctctaa tgttctccca1800
60 aaaccagagt tgagagtcgg agtgccagtc gtcggggccc actattcctg aataagggac1860
   atgcaagggc cagaagtagc ttgactctcg cctaaatata tgtgcctttg cctgtccttt1920
   ctcccactct actgaaaccc ggaacagatt cccgcttgcc ttctgatgaa gagaggttag1980
   gtaaagagag tttggaggaa aaaagacacc aggaggcagg ctgtggggta ggagaggggt2040
   ctgagaggag gcagcaatcc agaatacctc cttttctagc cagcatccct tgaacttttg2100

```

DE 198 18 620 A 1

aaagggttggt cctaccactg gctggcacac cagggcaatg atttccctg: agaaggaagg2160
 aaagaatggt ttcacccttg catccttctt gggagaugct accagcatgt tgcttcagtt2220
 tgagttggtt tcacattcag gatcttgggg ttttatgggt tttccttccct cctgtgttt2280
 tgccccgaac gttgatcaac aggggtgaaa aagggccacc tgagggtttc 2330

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

gaggcagttt gagatcacca gcatttccgt ggatgtctgg cacatccctg aattcgacta 60
 tagcaggctc cccaaacaaa gcatcgggca gttccatgag ggggatgcct atgtgggtcaa 120
 gtggaagtgc atggtgagca cggcagtggt aagtcgccag aaggagagac actcgggtgag 180
 ggcagccggc aaagagaagt gcgtctactt cttctggcaa ggccggcact ccaccgtgag 240
 tgagaagggc acgtcggcgc tgatgacggg ggagctggac gaggaaagg gggccaggt 300
 ccaggttctc cagggaaagg agccccctg tttcctgcag tgtttccagg gggggatggt 360
 ggtgcactcg gggaggcggg aagaggaaga agaaaatgtg caaagtgagt ggcggtgta 420
 ctgcgtgcgt ggagaggtgc ccgtggaagg gaatttgctg gaagtggcct gtcactgtag 480
 cagcctgagg tccagaactt ccatggtggt gcttaacgtc aacaaggccc tcatctacct 540
 gtggcacgga tgcaaagccc aggccacac gaaggaggtc ggaaggaccg ctgcgaacaa 600
 gatcaaggaa caatgtcccc tggaagcagg actgcatagt agcagcaaaag tcacaataca 660
 cgagtgtgat gaaggctccg agccactcgg attctgggat gccttaggaa ggagagacag 720
 gaaagcctac gattgcatgc ttcaagatcc ttggaagtttt aacttcgcgc cccgcctgtt 780
 catcctcagc agctcctctg gggattttgc agccacagag tttgtgtacc ctgcccagac 840
 cccctctgtg gtcagttcca tgcccttccg gcaggaagat ctgtacagcg cgccccagcc 900
 agcacttttc cttgttgaca atcaccacga ggtgtacctc tggcaaggct ggtggcccat 960
 cgagaacaag atcactggtt ccgcccgcac ccgctgggccc tccgaccgga agagtgcgat1020
 ggagactgtg ctccagtact gcaaaggaag aaatctcaag aaaccagccc ccaagtctta1080
 ccttatccac gctgggtctg agccctgac attcaccaat atgtttccca gctgggagca1140
 cagagaggac atcgttgaga tcacagagat ggacacggaa gtttccaatc agatcaccct1200
 cgtggaagac gtcttagcca agctctgtaa aaccatttac ccgctggccg acctcctggc1260
 caggccactc ccggaggggt cgtacctctg aagcttgaga tctatctcac cgacgaagac1320
 ttcgagtttg cactagacat gacgaggat gaatacaacg cctgccccgc ctggaagcag1380
 gtgaacctga agaaagcaaa aggcctgttc tgagtggga gacgccagag gagcctcacg1440
 gtcacgtcca acaacaccac tgcaccaggg aaatggatat atatttttgg actggtgttt1500
 ttcacaaagt atttttcaat cagagttttc agaacctgac attgttaaag atactgctt1560
 tccccgaggt gtgtattttg taaatgttca agggaactgt ttggaaactt ctttccaccal620

40

45

50

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

ttcaggaggt tatcagaatt aataaaagta tctgtatgt gcacttaagc cgtagctgct1680
 atagatagca ctgccttctt gttccagcta ggcaacgct ttttctttt tttgaagcag1740
 ttctctttat aaagtgttat tttgatagtt tgtggattct aaaataccat ataagtcaaa1800
 tatggattta acaaagcaat atgtattcat tcactttcga gatttggggg gttgtttttt1860

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 807 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

cctttctca tctctattaa attgtaaaca ggactactgc atgtactctc tttgaggtga 60
 atttggaatg gaaggccagg gactatactc tttttaaaat agacatttgt ggggctcaca120
 caatatatga aatagtaccc tctaaaaaag agaaaaaaa aatcaggcgg tcaaacttag180
 agcaacattg tcttattaaa gcatagttaa tttcactaga aaaaatttaa tatcaaggac240
 tattacatac ttcattacta ggaagttctt tttaaaatga cacttaaaac aatcactgaa300
 aacttgatcc acatcacacc ctgtttatct tcttaaaaca tcttgggaagc ctaagcttct360
 gagaatcatg tggcaagtgt gatgggcagt aaaataccag agaagatgtt tagtagcaat420
 taaaggctgt ttgcaccttt aaggaccagg tgggctgtag tgattcctgg gccagagtg480
 gcattatgtt tttacaaaat aatgacatat gtcacatgtt tgcattgttt tttgcttgtt540
 gaatttttga acagccagtt gaccaatcat agaaagtatt actttctttc atatgggttt600
 tggttcactg gcttaagagg tttctcagaa tatctatggc cacagcagca taccagttt660
 ccatcctaag aggggaatgga aattaatttt gtaacctact gattaacaga atctgggggt720
 cacattggaa aaaaattctt ttatccgtct ttaaggata tgtttaaaata ttattttatg780
 tgtcggcata ttgcggacag tctgaga 807

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1932 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

DE 198 18 620 A 1

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

```

ccgggggtttt gggctggaac tgcagcgctt agagagctcg gtggaagctg ctaaaggcgg 60
aggcgggggt ctggcgaggtt ctcttccac cttcccccac ctttctctgc caacgcgtgt 120
ttcagccctt agctggattc cagccattgc tgcagctgct ccacagccct ttccaggacc 180
caaacaaccg cagcgcgtgt tcccaggatg gtgatccgtg tatatattgc atcttctct 240
ggctctacag cgattaagaa gaaacaacaa gatgtgcttg gtttcctaga agccaacaaa 300
ataggatttg aagaaaaaga tattgcagcc aatgaagaga atcggaagtg gatgagagaa 360
aatgtacctg aaaatagtcg accagccaca ggttaccccc tgccacctca gattttcaat 420
gaaagccagt atcgcgggga ctatgatgcc ttctttgaag ccagagaaaa taatgcagt 480
tatgccttct taggcttgac agccccacct gggtcaaagg aagcagaagt gcaagcaaa 540
cagcaagcat gaaccttaag cactgtgctt taagcatcct gaaaaatgag tctccattgc 600
ttttataaaa tagcagaatt agctttgctt caaaagaaat aggcttaatg ttgaaataat 660
agattagttg gggtttcaca tgcaaacatt caaaatgaat acaaaattaa aatttgaaca 720
ttatggtgat tatggtgagg agaattggat attaacataa aattatatta ataagtagat 780
atcgtagaaa tagtggtgtt acctgccaa gcatcctgta tacaccaatg attttacaaa 840
gaaaacaccc ttccctcctt ctgccattac tatggcaact taagtgtatc tgcagctcta 900
cattaaaaag gagaaagaga aataacctgt ctctcattcc taagttgcct cattaatttt 960
catgaacaag aatatgtacc tttttgatgc tatattactg cgattaaaaa gttcttgcag 1020
gtaatgttta tgatagtta aacgttgtaa tttcttatcg taattataac attcccattc 1080
ttttgtagat gaaacttcta catattgaac cacagatttt ctgagcttct aaatgtagcc 1140
tttcattgca catttcagtg atcagaatag atatcctttt acacgcacaa aagcaataga 1200
ttcattcagt ggacaagttc cttgtttaac tacacagcta tgatggaatg atatatccaa 1260
gttccttgcc tcagtgaat atgcatatgt atatcatgaa agtgggatgc caagtaagct 1320
taaaatggca ttctctagca aagagattag acttttaaat aactcttata aaacaggttg 1380
gcgatcattt cccaagattg gtttcccttg agtttttgc aaacaaaatc ttagtagttt 1440
tgcccgttta aaacaactca caatcgtaa tgctactatt cctaagatat cttacctttt 1500
tatttcagtt tagccatgta ttgtatgagt gtattagtct aagcagtgag aatcttttct 1560
atgcctctat tccagcaaaa agtagaagta tcaaatataa agggcaactt ttaaaatatt 1620
aagcctgaag acttctaaaa agacaagaaa catggcctaa ataaccaaca tagatttaca 1680
tagtaagttt cacactacct tattacaaa agcaaacacc tcttacttta aactacatta 1740
tcatgtatat ctattgtatg ctggtcttta ctttttgcca aaatcaacat ataatgaaga 1800
gatgcctttg tttcatgaga ttcaaacttg atgctatgct ttaaaataaa ctgagtactt 1860
ttagaaacat aaaaaaaaaa aaaaaaggc gacccccga gtagtgggcc cgcgccggg 1920
gatttttccg gg
1932

```

20

25

30

35

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3024 Basenpaare

60

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESI's durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```

atatatgtta agacattccc ttgctaatta ttttcttctc tgttggttcta tttttttgggt 60
ccagtttgct gtttttaaaag ttttgagtcc cagctgggtcc tgtacattta actgaaaaaaa 120
aagtaactta aaataatata aaaatagcac tcatgtatgt cctacagtta taggtgaaat 180
ttgatattgt ttgtcttaca tagcatacct atagacagct taagtaaagt gactgttaaag 240
agggttatgc ttattgatga actctttagt ttgtttacca gctctgttag tatagttaaa 300
ttgatctcag tagcttcaag tatttataaa atgggtgaag tccaaataca tgtgataatt 360
acaatacact ttgaattaat ggggggtggg aggctagtgt aaatgcattt tatttacc 420
aggagtatgt taaaatgata gttataaatg ttggaagtgt aaagcaagat actcagttta 480
gttctttaca aatcataaga agaacaaaat tagatgttga cattgctatt ttaggctgtg 540
tgttttccat atgcttcttg ctttccctgt cacagggtgt ggcagcaata ttgggtgtgat 600
tgaggttatg ctggcaccac tcgcacacag gcgcacaatg gtgttagctg ggcagaaaaga 660
gtggcatctc tggctaccgg gctggggggc acctttacca taggatgaag taaccttgca 720
ttcggctgca aggtgtactg tacgtacaca ggtgctggtc gatgtccact ttctgctttt 780
ctttctttct tttttctttt tttaaagtaa tttccccac agtaaaatac actgactcct 840
gagtaaatgt attttccagt tttatggaat tgggagtctg acaagtgaag ccaatttaat 900
gtaaagtatt tggctttcaa atggtttctc tgtgctattt tttggaattc tttcagattc 960
cagagatate ttacgtcttt gattcaattt aaaatttga cttattttct tttagaaata 1020
atgtattgtg tctgtgcaga aaaaaaaagg ccaaaaaggga ttgctttact ccaagaggag 1080
agattgtctt aggataaacc tccaagctca catttaatat aacagactga agtaaacatt 1140
agaatcctgt ttagagctat tctgcacagt taactactga tctttagaat ctaaaattgt 1200
atatgaactt attcttaaat aattgaaccg ttttatattc aaatgactta tgatcgtggt 1260
tagtttggga aaaataagat ggttaaattt tgatttattg aaatgtaatt gtattatttt 1320
cataaaatag ctttttcaat ttgtaatgtg gttaaatac cttgttgttt gccaaagaaal 1380
tttcatttgg ctgtgaatat tctatttggc tgcagtatct gtttctcttc ctaggctcaa 1440
gttgggtgacc caagcctatt gtaacaagt gattatctca aaggagatg ccaatggagt 1500
aacaatttgt taaccttaag ttttctgtct gtatattttt ttaaaaatct ggtagtttct 1560
ggaaaaaaa gagaaagggg tttgtagtac ttaaccctat ttatttccgt atattttagt 1620
taattagttt ttggaataaa tggatttcag tatagctttg tggttaaatt gcattgcctt 1680
tattttatgt ttaggcttat ttttaaatta acatttaaca gaaacatttg aaatagaatt 1740
tgcatgtctg ccttaattaa cttaaagact gattttaatc tgactatgac actgagcata 1800
ttctttaaat tactcataat ttataatgct taatataatc ttaattaaat ttagcagttt 1860
tagtataaga tgtgccattt tgtcctctgt atgtctgaat gaagctataa catttgcctt 1920
tttattgcag gttttccttt ggaatatgga taaatacacc atgatacgga aactagaagg 1980
acatcccat gatgtggtag cttgtgactt ttctctgtat ggagcattac tggctactgc 2040
atcttatgat actcgagtat atatctggga tccacataat ggagacattc tgatggaatt 2100
tgggcacctg tttccccac ctactccaat atttgcctga ggagcaaatg accggtgggt 2160
acgatctgta tcttttagcc atgatggact gcattgttga agccttgcctg atgataaaat 2220
ggtgagggtt tggagaattg atgaggatta tccagtgcga gttgcacctt tgagcaatgg 2280
tctttgctgt gccttctcta ctgatggcag tgttttagct gctgggacac atgacggaag 2340
tgtgtatttt tgggccactc caccgaggt cctagcctg caacatttat gtcgcatgtc 2400
aatccgaaga gtgatgccca cccaagaagt tcaggagctg ccgattcctt ccaagctttt 2460
ggagtttctc tcgtatcgta tttagaagat tctgccttcc ctagtagtag ggactgacag 2520
aatacactta acacaaacct caagctttac tgacttcaat tatctgtttt taaagacgta 2580
gaagatttat ttaatttgat atgttcttgt actgcatttt gatcagttga gcttttaaaa 2640

```


DE 198 18 620 A 1

tattatttat agacaataga agtattttctg aacatatcaa atataaatTT ttttaaagat2700
 ctaactgtga aaacatacat acctgtacat alltagala aagctgctat atgttgaatg2760
 gacccttttg cttttctgat ttttagttct gacatgtata tattgcttca gtagagccac2820
 aatatgtatc tttgctgtaa agtgcaagga aattttaaat tctgggacac tgagtttagat2880
 ggtaaatact gacttacgaa agttgaattg ggtgaggcgg gcaaatcacc tgaggtcagc2940
 agtttgagac tagcctggca aacatgatga aacctgtct ctactaaaaa tacaaaagaa3000
 aaaaaaaaaa aactcgaaac tact 3024

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 505 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

40

ctgcacgggc gcagatgtag gcaccggctc gagtgcctgc cctctgtccc cgcggetggg 60
 tctcgtctgc tccggttcct gggctcctaa ttcttggtcc agcttcttcc aggtctgcgc120
 gtctgttgtt cccagcgctc tgcaagctg aaaaggagga gcaacctgtc cagaatcccc180
 gcaggacagg aaaaggagg gaaatctcga catggaaaaa ctctacagtg aaaatgaagg240
 aatggcttca aaccaaggaa agatggaaaa tgaagaacag ccacaagacg agagaaagcc300
 agaagtaact tgtactctgg aagacaagaa gttagaaaac gagggaaaga cagaaaacaa360
 gggcaaaaca ggagatgagg aaatgtttaa ggataaagga aagccagaga gtgagggaga420
 ggcaaaagaa ggaaagtcag agagggaggg agagtcagag atggaggagg tgcagagaga480
 gggaaccgga ggtaggggaa gcgga 505

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

PPLRLFFFY LRKFISTSTA EIRKWYRFGQ IILYEMDPHT TSFLIQARYN IIPGFSKSSQ 60
HGYLCYSVLA FIAASSFRRA FFSKFKLVKV SCLWAAFLPS ITMKMHPTTV RAIIR 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129

VRDGAPGLSC GFVQNPFILE KSELLVSLRD EETSLSHNLK QLPAARRRPL RLPMATCYSA60
DQRTSPGTV ALVSSMSPSV GV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130

QVAMGSLSGL RLAAGSCFRL CERDVSSSLR LTRSSDLKRI NGFCTKPQES PGAPSRITYNR 60
VPLHKPTDWQ KKILIWSGRF KKEDEIPETV SLEMLDAAKN KMRVKISYLM IALTUVGCIF120
MVIEGKKAQ RHETLTSLNL EKKARLKEEA AMKAKTE 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

DE 198 18 620 A 1

| | |
|---|----|
| (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 10 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 15 |
| : | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131: | |
| | 20 |
| GIITLSLLMI IHPQMEEFIR QPLQFRLKTG AHRTQGTIKE DQEPFFLSK NWP | 53 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132: | |
| | 25 |
| (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 35 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 40 |
| : | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132: | |
| | 45 |
| LFILRWRSLS VSHFSFVLKQ EPTGPKELLR RTRNLGFFFQ KIGPSPINEG KN | 52 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133: | |
| | 50 |
| (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 60 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 65 |
| : | |

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

KKKPRFLVLL NSSLGPVWSC FKTKLKWLTQ KLLHLRMNNH Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

ADPAFSTDLF QGCTDMAAAF RKAASRQRE HRERSSDYRK KQEYLKALRK KALEKNPDEF 60
YYKMTRVKLQ GGVHIIKETK EEVTPEQLKL MRTSGRQIYR KRGCRS 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRRSPLIFS KAVQTWRRLF GRRLSPGSGN TESEAVTTVK NKNTSKLFGR RLLKKIQMNS60
TTK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

| | |
|---|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 5 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136: | |
| LFWGYFFLSL LNNMYSTLEF NPSHEVVEFI WIFFKSLLPK SFEVFLFFTV VTASLSVFPL60 | 15 |
| PGLSRLPKSR RHVCTALEKI SGERRIR | 87 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137: | |
| (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren | 20 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137: | |
| EANNYMSCQG GSRFHSFSIL PQYPGINAAT GGQSLFVLLP TPSLFCLFNS VKLFCLGPGK60 | 40 |
| EPKENLSGQV HFWNAENILK ARFLEYSQLA FFPLI | 95 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138: | |
| (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren | 45 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 55 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 60 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138: | |
| | 65 |

DE 198 18 620 A 1

NSSASSPQFW PNSRLAVFTW YPGVGLLTLLI SMMFSKMKLD KVDHQLHRVF CKSIYSKWPR60
DLRKIQIFCL PWSCFKS 77

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

DLKQDQGGKQK ICIFLKSGLH LLTILLQKTR CSWWSTLSSF ILENIIIEIKV SNPTPGYQVK 60
TASLLLGQNC GLLAEIFYGL QSKWSYLTHH MTKVLNLVRG KVLNIQFWIQ EIIIVNFPFK120
SMERMLVENI LKI 133

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- 35 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

RADQRQGGTT QKQELKTSR HQGQLNEDKL KGKLRSLNQ LYTCTQKYSP WGMKKVLLM 60
EDQKNSYEQK AKESLQKVLE EKMNAEQQLQ STQSLALAE QKCEEWSQY EALKEDWRTL120
55 GTQHRELESQ LHVLSKLG SR 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 60 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 65 (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

VPAICSPAVW TEARGVGSPA PCAGSQGSSS PPSEPHTGSS TLHTSALPGP GIAVCSVVAA 60
LHSFSPPALS AVTPWPSAHS CFSGLPSPVV LFSFPKGSIS GYRCIAGFLR ISVSPSVCLH120

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SCRPWVPHLO RSLSPKAIN LGLKFLGAHF PKIEGPGFIC KSLLSAPLQF GLKHVELALQ60
LPVLGPKGPP VLLQSLILAP PLFTLLLCQG QGSLCAL 97

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

(A) LÄNGE: 783 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

65

DE 198 18 620 A 1

5 FLLQPSAFHL YEPPLDYTMT WRMGPRFTML LAMWLVCSE PHPHATIRGS HCGRAVPHVS 60
 PDSSRPARFL RHTGRSRGIE RSTLEEPNLQ PLQRRREVTV LALARPTEPP ARSDINGAAV120
 RPEQRPAARG SPREMIRDEG SSARSMLRF PSGSSSPNIL ASFAGKNRVW VISAPHASEG180
 YYRLMMSLLK DDVYCELAER HIQQIVLFHQ AGEEGGKVR ITSEGQILEQ PLDPSLIPKL240
 MSFLKLEK GK FGMVLLKKT L QVEERYYPV RLEAMYEV ID QGPIRRIEKI RQKGFVQCK300
 ASGVEGQVVA EGNDGGGAG RPSLGSEKK EDPRAQVPP TRESRVKVL KLAATAPALP360
 QPPSTPRATT LPPAPATTVT RSTSRVTV ARPMTTTAF TTQRPWTPSP SHRPPTTTEV420
 ITARRPSVSE NLYPPSRKDQ HRERPQTTR PSKATSLEST TNAPPTTISE PSTRAAGPGR480
 10 FRDNRMDRRE HGHRDPNVVP GPPKPAKEKP PKKKAQDKIL SNEYEEKYDL SRPTASQLED540
 ELQVGNVPLK KAKESKKHEK LEKPEKEKK KMKNENADKL LKSEKQMKKS EKKSQKEKEK600
 SKKKKGKTE QDGYQKPTNK HFTQSPKKS ADLLGSFEGK RRLLLITAPK AENNMVYQQR660
 DEYLESECKM ATRKISVITI FGPVNNSTMK IDHFQLDNEK PMRVVDEDL VDQRLISELR720
 15 KEYGMTYND FVLTDV DLR VKQYVEPIT MKSVFDLIDT FQSRKDMEN QKRGVFFEGG780
 KTP 783

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 20 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 KMOVGVVFL RWERMENLF QGNGFAAEVR MCSCIDLQTP RRWHTACLG VPRDSRPPTY60
 LSEARAAGHG PSAKPVCDAL GALVQEA 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

65 SFSSLGVRNT LFITFKFALY FFSSMLVLWT FGDVSVRAGE RGVRRPSHRW SWPPPALSSL60
 PDHREFPICPS ENLSQGELKF TGQGTSTFIY IMLANRT 97

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

ASCTKAPRAS HTGLAEGPWP AARASDKYVG GLESLGTPKH AVCTHLLGVC RSIQEHILTS60
AANFPWKRF SHILSHLKKT HPTTIF 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

NSKDKCFSLA FITTPETERW RCCASEPRLL ALKHQGHRTQ AWQRGHGQRH ELQTSMLEVS 60
NPLAPPSMQC APTFWVSADR YRNTSLPLQR THFPGKDFHT SSPTSCKPTH PQPFFKAPR 119

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

STKGIAHRLG RGAMASGTSF RQVCWRSRIP WHPQACSVHP PSGCLQIDTG THPYLCSEPI60
SLEKIFTHPL PPQKNPHTN HFLKPHG 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

DPPSHSQLGR CCHRMVFESV GARAHFWLSQ QLGWHLLPSA RNSNIMNARD SVLSKVFBPK60
GAGHGCSRL 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

SAHLGLPKCW DYRREHPCPA PFGWKTLLST LSLAFIMLLF LALGSKCHPS CCDNQKCALA60
PTLSNTIR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

DE 198 18 620 A 1

| | |
|--|----|
| (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 10 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151: | |
| HHTQPIFVFL VATGFHHVGQ AGLEPLTSGD PPTLASQSAG ITGVSTRALP LLDGRLY | 57 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152: | |
| (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren | 25 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 35 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152: | |
| SAGIPKLAPK IPLPESDLLK CYLISGAFFD HTLKTSTPTH GPCPPSRLHF LAYTYQM | 57 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153: | |
| (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren | 50 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 60 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 65 |

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

LKTLTIVASI RVSTFYSSDP TSFNLLLLLIY GG

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

TKRAVMKSMH LCAIRAFLVP HSELIDSDYI HF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

GRVRAVKGRH SDRSHSQQCF QSVNTDEVPT T

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

| | |
|---|-------|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 5 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156: | |
| VQNVMSACNF IFIKAKLIYM EYCSIYYAPI YILSPVVRYP ISLLLNIFYT YL | 52 15 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157: | |
| (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren | 20 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157: | |
| TGTECFEICC IENSHTQFSI LCQCSHHGWT LGRNSPQPFL VSFSQFFSVS RWAPVINLP 59 | 40 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158: | |
| (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren | 45 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 55 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 60 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158: | |
| LSLCPCWPGN FFQWCLLEEV FSSGQFKEIK LGNGEGGR | 38 65 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

GSILDMMQEI SSWSQKFPRG AVFLRNGVYL NNS

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

KKLPQGHGK LNYLNLKLF LKIQHLLGTF DSRKRFPASY PKCF

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

AAGGLGLGVG PRGMWRAGSM SAEIGVGCAL RAVNERVQQA VARRPRDLPA IQPRLVAVSK 60
TKPADMVIEA YGHGQRTFGE NYVQELLEKA SNPKILSLCP EIKWHFIGHL QKQNVNKLMA120
VPNLFMLETV DSVKLADKVN SSWQRKGSPE RLKVMVQINT SGEESKHGLP PSETIAIVEH180
INAKCPNLEF VGLMTIGSFG HDLSQGNPD FQLLLSLPEE TVVKS 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

CRPGGARRRS PGDVESWQHV GRAGSRVRIA GGERARAAGC GAAAAGSPSH PAPASGGQQN60
QTCRHGDRGL WTWAAHEWRE LRSQTARKSI KSQNSVEVS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

LRSCPCLPMV ISPTNSRLGH LAFMCSTMAM VSEGGPCLL SSPLVLIWTI TFNLSGEPFL 60
CQELFTLSAN FTESTVSSMK RLGTAINLLT FCFCRWPMKC HLISGHKDRI LGFDAFSSSS120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

DE 198 18 620 A 1

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

TSTGPSSPLV ASAATELA AF AAFSSACMR PEGSASLFWN RLPLLMFGDL QGCEAREGIA60
MRILQASFSG LSSKG 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

NTHGDALTCL TPLQVPKHEE GKAIPKQGRG TFRAHTCRAG GSGKSCQFSC SRGYQGAGGT60
SAGLALYLHT RTAASRGTSF SPVGSVAPQQ 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SHPFEDSPEK EACKIRMAMP SRASHPCRSP NMRRGRRFQN REAEPSGRIH AELKAAAKAA60
SSVAAEATRG LEGPVLV 77

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 347 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

TAFPLPVVVA AVLWGAAPTR GLIRATSDHN ASMDFADLPA LFGATLSQEG LQGFLVEAHP 60
DNACSPIAPP PPAPVNGSVF IALLRRFDCN FDLKVLNAQK AGYGAAVVHN VNSNELLNMV120
WNSEEIQQOI WIPSVFIGER SSEYLRALEFV YEKGARVLLV PDNTFPLGYY LIPFTGIVGL180
LVLAMGAVMI ARCIQHRKRL QRNRLTKEQL KQIPTHDYQK GDQYDVCAIC LDEYEDGDKL240
RVLPCAHAHAYH SRCVDPWLTQ TRKTCPICKQ PVHRGPGDED QEEETQGQEE GDEGEPRDHP300
ASERTPLLGS SPTLPTSFGS LAPAPLVFPG PSTDPPLSPP SSPVILV 347

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 588 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

55

QVTNMSDKSE LKAELEKQ RLAQIREKK RKEEERKKKE TDQKKEAVAP VQESDLEKK 60
RREAALLQS MGLTPESPIV PPPMSPSSKS VSTPSEAGSQ DSGDGAVGSR RGPIKLGMAK120
ITQVDFPPRE IVTYTKETQT PVMAQPKED EEDDDVVAPK PPIEPPEEKT LKKDEENDSK180
APPHELTEEE KQQILHSEEF LSFFDHSTRI VERALSEQIN IFFDYSGRDL EDKEGEIQAG240
AKLSLNROFF DERWSKHRVV SCLDWSSQYP ELLVASYN NN EDAPHEPDGV ALVWNM KYKK300
TPEYVVFHCQ SAVMSATFAK FHPNLVVG GT YSGQIVLWDN RSNKRTPVQR TPLSAAATH360
PVYCVNVVGT QNAHNLISIS TDGKICSWSL DMLSHPDQSM ELVHKQSKAV AVTSMSEFPVG420

65

DE 198 18 620 A 1

DVNNFVVGSE EGSVYTACRH GSKAGISEMF EGHQGPITGI HCHAAVGAVD FSHLFVTSSE480
DWTVKLWTTK NNNKPLYSFED NADYVYDVMW SPTHPLAFAC VEGMGRDLW NLNNDTEVPT54C
ASISVEGNPA LNRVRWTHSG RGGGCGGILK DKFCYFAMLG GAVCWSPQ 588

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

FHVEQLSHSF LSWRKDTIQR GSKDFVKRGI HNLLWSKCPH L

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

CPRDVGTCSE VNYGCHVLQN PYCPFELCPG SKIRSYDSIV QHGIIMKSLS SSIFP

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

| | |
|--|----|
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| : | 5 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171: | |
| KAFLVLSFPK WALFLVIHMT LFGCGCLLNF LFWTSFSKPK PARDRKGNGN | 50 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172: | 10 |
| (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | 15 |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: | 25 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| : | 30 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172: | |
| CTFNIESFIY LIVYRTFHHY THLLHNILTS IFKFFCTSSF SFNLVKPVIH TNVYCELSSEG60 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173: | 35 |
| (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | 40 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 45 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: | 50 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| : | 55 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173: | |
| EESFVFLIHS FVNRYKGTNV LTYTKKKKIL VYPLMLIHRV LSYNVIQLGS LTFFPKNIFI60 | |
| EKGITLS | 67 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174: | 60 |
| (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren | 65 |

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

LYHIIRKHSV DQHKWVHKNF FFLGVCKHIC SFISVYKTVN QKDKTFFLVF VIFFLN 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IHWSPSYRL GPRSHRPGIQ TQRGQSIKVA VGSSNHCIFYS RSLKIIIVYL LSITLGK 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

GEFTGVGPAT GWVPGHTARG FRLKGASPSR WQWGLQTTVS IPEAYLKSLY ICFP

54

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

VNSLELAQLP VGSQVTTPGD SDSKGPVHQG GSGVFKPLFL FQKPT

45

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

YLKLVPM LGG QLFSMVLIRR SFFILSEKEI KVEIEYGWHV VPV

43

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

GSILDMMQEM CYGGQKFPRG PVFLRNGIYL NNI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

TGTTCHPYST STFISLNDKM KKLLLISTIE KSCPPNMGTS FKYYLNKFHF LKIQDLLGTF60
DPRNTPASY PKCF

74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SRRTQGAAS RFPQPDITGQ DFSASAQRGG LVAHSDLDER AIEALKEFNE DGALAVLQQF 60
KSDSLSHVQN KSAFLCGVMK TYRQREKQGT KVADSSKGPD EAKIKALLER TGYTLDVTTG120

DE 198 18 620 A 1

QRKYGGPPPD SVYSGQQPSV GTEIFVGKIP RDLFEDELVP LFFKAGPIWD LRLMMDPLTC190
 LNRGYAFVTF CTKEAAQEAV KLYNNHEIRS GKHIGVCISV AMNRLFWGSI PKSKTKEQIL240
 EEFSKVTEGL TDVILYHQP DKKKNRGFCF LEYEDHKTA QARRRLIEW 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

KLCTEWLKV GGIWRWMRGSC LGRLCFTWIR VGLREEIGV

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

EAVMTLILIL HTYFLTQPY NPSEAKPSQT APSPSPYPP NL

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

PSFSFYTPIS SRNPTLIQVK QSLPRQLPLI HLHIPPTFNH SVHNFYSLHT SYLLIFLTNK60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

QQHHLPQSLG FLNKKEIVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60
SLLSFPIRMD TFCSACHFCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

HAEQNVSILM GKLRRLAWYR NWKCGTDEAT NFKFRTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTI60
SFLLRNPND 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

DE 198 18 620 A 1

| | |
|---|----|
| (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 10 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187: | |
| GTKSRYVMLW DLLPEDDIRQ LIGKESALLQ EQANHKKWVS GGRPVGFAGF YCYLGAHSKC60 | 20 |
| SGVWDSPKGF FRHLTNS | 77 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188: | 25 |
| (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | 30 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 35 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: | 40 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188: | 45 |
| RSRFHMMTL RALQLSLPTK IGGACFRVSR LSPTEKKKKK MSLEEA | 46 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189: | 50 |
| (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | 55 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 60 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: | 65 |

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

ITFSHDAHAQ GASTIIPPHKD RWRVFQGLSS LSYRKEKEKN VIRRGVTRQS VPRFVFPGVA60
ERDQF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

ECREAGPLFL QSRLELISFG HSRKHKPGDG LTCYASSNDI FFFFSVGER RETLKHAPPI60
FVGRDN 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

RQTEGETEML RKPSYTTLP R NTSLRECKKY YWRWKSRTA MGRPRPGD 48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

RAETRSQGQL NEDKLGKLR CLESPAIQLY PEILPLGNVK STTGDGRAEK QLWAEGQGV160

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

SCIAGLSKHL SFPFSLSSLS CPWLRVSALQ LLPLRAFPPA SDLL

44

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

65

DE 198 18 620 A 1

EIMNGLVLDN IWPBKLLTSV LGESHEVNHT SEIYMLNGE QRPSCCKRCI KYLCFCMRLCO
RSFSLSPLE PIRISREAKL FCGFGNGHFP GKCIWIDD 98

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

AHSSTKAKSK SEFLPILPLC NTLRSSHNCP TPLPVSCT KPSLSSEFRY IVRQRRALR 60
RRAFEALSTL PASVKMLHY SPEKRARFHS RSRCIFPGND HSQTHRTVWL LWISL 115

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- 35 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

SGVKRISCVL ETKAYCHCFK KSLCEMKNM TNTGSHTYTY IQRNLTCTH TGRYRHTVPP 60
KRSPNQSSYR FYHSVILSEV PTTAQLTYP FPAAQSLIHS HLFDTSSGRA EGHYAAEHSR120
55 LSAHCQPA 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 60 (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 65 (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

| | | |
|---|----|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 5 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197: | | |
| FSYFSTPLSL YNYAILLDAG PLNAEMICFL GFFFFKKYFH WFSVTL | 46 | 15 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198: | | |
| (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren | | 20 |
| (B) TYP: Protein | | |
| (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 30 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198: | | |
| YLSLCPCWPG NFFQWCLLEE VFSSCHFCKI KLEIEYGWDH CTLLVLLFFY SSVPL | 55 | 40 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199: | | |
| (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren | | 45 |
| (B) TYP: Protein | | |
| (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 55 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | 60 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199: | | |
| RGPGHLLKPN GGPPMKLGYG RNLDISPRLP LNRETVKRSI RFHREWPLIP NSFPHNSVFL60 | | |
| VSMKCLESHR KPVKIFLKKK KPQKTDHLSI QWTSI | 95 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RPGVEPPLLR RLPDSETQKR VQGWGEMWSE GRFAFEKGSS RTHWDIVTHL NHLLIERCWP60
PNNGRSGPGP RA 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

GPSPYARGPG PDLPLLGGQH LSIRRWFKCV TMSQCVLELP FSNANLPSLH ISPHPWTRFC60
VSESGNLLKR GGSTPGL 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

EANTFLSEDG SNVLQCPSVF SNFLSQMQTF PHSTSLPIPG PVSVLSQAT FSKEGVPLPA60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

PTTTLVIFLF FLSSRRKKQK DSFQTALCSL HCSFPAQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60
TLLSESKYRK QVLPLADKNH TSFL 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKG I LSPQTECAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120
GGLCEGKD 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60
TPWKRRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PDFRGFAGPA MFSRGFQVGR GERQGENAPC RGVQRSPASC PAVGWTSDL 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

QISGVLRAPR CFPEVFKWEE ESDKVKMPRA GASSGVLPV RRWGGRLIYE GAHPPI 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

CCSCQSSQVR YSDRWMGTFI NQTSTPPPD S WQDSAGRPGT GHFHLVALLF PLENLWKTSR60
GPQNPGNL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

WGGRTLASAV SIPLRKCHSH RPTVLARKQP QSGVPPPYTA IASPDASGIP VINCRCVQSL 60
INLDGKLHQH VVKCTVCNEA TPIKNPPTGK KYVRCPCNCL LICKDTSRRI GCPRPNCRR120
INLGPVMLIS EGTSSACIA QSQPEGYKGR VLGHGWGTHS LWDG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

SSAVPDGAVG RPVAVAVGGP PHSCRCRPCC LMAAIGVHLG CTSACVAVYK DGRAGVVAND 60
AGDRVTPAVV AYSENEEIVG LAAQSRIRN ISNTVMKVQ ILGRSSSDPQ AQKYIAESKC120
LVIEKNGKLR YEIDTGEETK FVNPEDVARL IFSKMKETAH SVLGSDANDV VITVPFDGE180
KQKNALGEAA RAAGFNVLR L IHEPSAALLA YGVGQDSP 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

RKWTLTSMQ KRMLKRPDNK LKYVTKWQRT AKQITHPFSR NSTMSSMNIT ILTSPTSSRK 60
YKRAEERRIV PMGESMKTYA EVDRQVIPII GKCLDGIVKA AESIDQKNDS QLVIEAYKSG120
FEPPGDIEFE DYTQPMKRTV SDNSLSNSRG EGKPDCLKFEGG KSKGKLWPF I KKNKLMSLLT180
GGPFSF 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5

ISGRRVSLNF VSEFSITEFC PCWCLGYRPD GPGSFPSCSG LEVSPHLFLK ACVQCSPKSI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

10

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

30

DLCSTLSATK GSITCFLNKA LVSPPASSGL HYSETNSTSF AGGITVPISR LGPALQTSFG60
LLVLLTLL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

35

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

55

TISFFKSKRG LKQEGTGTS QMDLGEHCTQ ALRKCKGLTS RPEQDGKLPG PSG 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

60

(A) LÄNGE: 276 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LPTAFLLSSV FWIFMTWFIL FFPDLGAPF YFSFIFSIVA FLYFFYKTWA TDPGFTKASE 60
 EEKKVNIITL AETGSLDFRT FCTSLIRKP LRSLHCHVCN CCVARYDQHC LWTGRCIGFG120
 NHHYIIFFLF FLSMVCWII YGSFIYLSSH CATTFKEDGL WTYLNQIVAC SPWVLYILML180
 ATFHFSWSTF LLLNQLFQIA FLGLTSHERI SLQKQSKHMK QTLRLKTPY NLGFMQNLAD240
 FFQCGCFGLV KPCVVDWTSQ YTMVFHPARE KVLRSV 276

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSFFHP DLHLMNPKAI STQFLYSVF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

KEINNYIRKE KNFKYLQPSST PNHPQDRWVQ KNAPWFY

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KFSSKDDRTS RRRSIIISER KKILSIYNPL LLITPKIGGS RKMHLGFTEE RS

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

DKRNGIISKK LSPEKTTLKS ILKRKGTSDI SDESDDIEIS SKSRVRKRAS SLRPFKRIKET 60
KKELHNSPKT MNKTNQVYAA NEDHNSQFID DYSSSDESLS VSHFSFSKQS HRPRTIRDRT120
SFSSKLPSHN KKNSTFIPRK PMKCSNEESC 150

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

NKWNKSKLGK EISKATQSLD PAQLADPCHS LAVAASLCSL KGEFGQCFPS PWAWSLHSGK60
QTSQGFPPKSQ ECLAAWVLI AMF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

NSKLVDCRME TWLLRHVVSF SLCVSCWGVV MIVSALTHCT RWQDOTALHK MAAPLQLPPQ60
PPSLHPRHFG LWFLSSVTYC LRS 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

CLHNREPDIF RILSSSYGI LRPRSYLQTK WPWSLQNIAM STHQAAARHSW DLGKGPLVCF60
PLCSDQAQGL GKHWPSPFS EHREAATARE 90

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

QSLRHCWLNI SLQRDGAFFE PGAGPVSSKA LDVFLVTRRR GCQMLKPSG LVWPRAAGQG 60
RAEKWSSSQL ALPSPTQPRP RWSLDSILTS ASPKVQMSKC LVVQSQEMGS YLKS 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

GCVGGGRAEA MAEKFDHLEE HLEKFVENIR QLGIIVSDFQ PSSQAGLNQK LNFIVTGLQD 60
IDKCRQQLHD ITVPLEVFY IDQGRNPOLY TKECLERALA KNEQVKGKID TMKKFKSLI120
QELSKVPED MAKYRSIRGE DHPPS 145

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

55

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GQTMRTGLR GVSRAQSHLS RKVASALAVP ASRRIAVPGD LHTGRVSWLR RRVILPPDAS60
ILSHVFRKYF RKFLNQAFK FLHGVDLAFN LLIFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

ALRPPLYALG QQVGAVTGPA DCSATAPLDF WIFWKQSQNS GLLGGWQRM VRGPPFISLF60
SIRWQSTGHP WWVSGPRPMP TLPFESR 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

APALATQPPL SLPRGTGPAY LNSLTMLQT WLLDSKLLSS NVLLPHFHFL HICLLLYWFL60
LLNLYFHSWV LCLPPFFSA 79

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228.

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

RMSVEASFV CLGTTGRCCW WSCRLEFNSP FGFLDILETK SEQWPTGGLA EGYGKRTSFH60
LPVQHPMAVH RSSLVGVRPK THAHLTL 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ATLSRFFGRI FNLRLTQVFP FLFSSPNDKK SFCSSIEGEWN GVMYAKYATG ENTVFVDTKK 60
LPIIKKKVRK LEDQNEYESR SLWKDVTFNL KIRDIDAATE AKHRLEERQR AEARERKEKE120
IQWETRLFHE DGECWVYDEP LLKRLGAACH 150

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

55

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

KFYRHPTLLI CLHIGLWLLS FYNGRVQSSH QRWSGLQTLT YLLPCLSQKK L

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SFTGTHPCSF VYILAYGCFP FTTVECSHHT RDGLACKPLP IYYLACHRKS YRPRSKTKTK60
PFVKTLKRAK NLPTV

75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

SAVITPEMVW PANPYLFTTL PVTEKVIDLG LKLKQNPLLR P

41

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

DSLRRGLGIC LWEFIHLSLL FTSPKPGFPL LKPAVISQLE GGSELGGSSP LAAGTGLQGS 60
QTDIQTNDL TKEMYEGKEN VSFELQRDFS QETDFSEASL LEKQQEVHSA GNIKKEKSNT120
IDGTVKQETS PVEECFFSQS SNSYQCHTIT GEQPSGCTGL GKSISFDTKL VKHEIINSEE180
RPFKCEELVE PFRCDSQLIQ PSREQH 206

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

30

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

50

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSVFHP DLQLMNPKEI STKFRYSVF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

55

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KEINNYTRKE KNFKYLQPST PITPQILGPK KFH

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

KFSSKDDRTS RRRSIIIPER KKILSIYNPL PLSPPKYWAQ KNST

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

RIRRSALIFS KGVQRWRRVF GRRVSPGSGN TESEASDYRK KQGTSKVFGR RVLKKIQ

57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

DE 198 18 620 A 1

| | |
|---|----|
| (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 10 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 15 |
| : | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238: | |
| GTLEFTVVTG FALCVPAAGT YPPSENPPPS LYTLGKDQCR TPDP | 44 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239: | |
| (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren | 25 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 35 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 40 |
| : | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239: | |
| NLYPTLEFNP SHEVVELTGF FSTPFFRTPL RYLVEFYGSHW LRSLCSRCRD LPAFRKPAAI 60 | 45 |
| SVHPWKRSVQ NAGS | 74 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240: | |
| (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren | 50 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 60 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 65 |

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

GAGEPLNQPE TRWSHVQQLS WCGGTEVDQH WSLQPPGSLW CN

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

STGNTCQFSC TTGYQGAEST SAGLPLYLHT RTAASRGTTG SPVGSVAPQH

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

APATPASSVA PQATRCLKGP VLVYLCTSTP GQLLHVGPFG LRLVQWLPST

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- (A) LÄNGE: 183 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

DE 198 18 620 A 1

| | |
|--|-----|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: | 5 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| : | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243: | 10 |
| AAVAFGAKGT SPAEARSSRG IEEAGPRAHG RAGREPERRR SRQRRGGLQ ARRSTLLKTC 60 | |
| ARARATAPGA MKMVAPWTRF YNSCCLCCH VRTGTILLGV WYLIINAVVL LILLSALADP120 | |
| DQYNFSSSEL GGDFEFMDDA NMCIAIAISL LMILICAMAT YGAYKQRAAG SSHSSVTRSL180 | 15 |
| TLP | 183 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244: | |
| (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren | 20 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 35 |
| : | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244: | |
| CQHVVHCHCDF SSHDPMCYG YLRVQATRS WIIPFFCYQI FDFALNMLVA ITVLIYPNSI 60 | 40 |
| QEYIRQLPPN FPYRDDVMSV NPTCLVLIIL LFISIILTFK GYLISCVWNC YRYINGRNSS120 | |
| DVLVYVTSND TTVLLPPYDD ATVNGAAKEP PPPYVSA | 157 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245: | 45 |
| (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | 50 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 55 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 60 |
| : | |
| | 65 |

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

GKGIQDMRGF CPMGSPALQH TGSPSASIGL GKGQLCLCAV V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

TNASTGTTCV LQSRGPHGTG SPHVLDPLS

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

PLPRPMLALG LPVCCRAGDP MGQGPLMSWI PF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

DE 198 18 620 A 1

| | | |
|---|----|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | |
| (vi) HERKUNFT: | | 5 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | |
| : | | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248: | | 10 |
| GKGIQGMRGP CAMGSPAVQQ KGSPSASIGL GKGQLCLCAI V | 41 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249: | | 15 |
| (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren | | |
| (B) TYP: Protein | | |
| (C) STRANG: einzel | | 20 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | 25 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | |
| (vi) HERKUNFT: | | 30 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | |
| : | | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249: | | 35 |
| HWDYLFVEQQ GTPWHRVPSS PGSPF | 25 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250: | | 40 |
| (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren | | |
| (B) TYP: Protein | | |
| (C) STRANG: einzel | | 45 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 50 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | 55 |
| : | | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250: | | 60 |
| TNASTGTTFL LNSRGPHGTG SPHPLDPLS | 29 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251: | | 65 |

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

ATKTVPRQRW SPPHCPRPNP SINLLRCGWG NRGKTEAPDA FSLLCSSAID CPDVQRETH60
RFAHENWGAD GQADRLCLFS E 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

GVDGETEAKL RHLMHSAACCA AVPLTALMFR EKRTQGLPMR IGEQMAKQIG YVCFLSDEV60
KPCGSGGHLW FILFPYPWLL EMVTFRTVQL HLSEHYC 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

| | |
|--|----|
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253: | 5 |
| LEILGIFSRV SKLSSSPTDT HPSSQIGVAI LGGRVVYGTP GCLHISQNYF RTIVPKSRVF 60 | |
| TGRQNLFSMP VPQLLSQIPI LGSHQLPIPH QTATVPSLSP YCSFKSCSQE RNCH 114 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254: | 10 |
| (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 15 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 20 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254: | 30 |
| IPSPQGPFCR SYSDPRKCPF PIVVLCLWGL VYPRGNCGEI IGLRVKRALV LEL 53 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255: | 35 |
| (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 40 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 45 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 50 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255: | 55 |
| QVDTLISTRK GLKLQNCQSL DSQTNDFTV TPGID 35 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256: | 60 |
| (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 65 |

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

TKPQRHRTTM GKGHFLGSEY DLQNGPCGLG IYPYAVPWSN A

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PIVNYGCHVL QNPYCPFEVC PSSKIRSYDS TAQHGTLTKT LSSSTFP

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

IMDATFYKIL TAPLKCVLPP RSEAMTQLLN MELS

34

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

KPSLVLPFPK WALLPVTHMT LFGCGCLLNS LEWTSFTKPK PAR

43

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

GSVKVPASPR PGGTSLGPEV AAKELSFSPR NGRRGQLPRP PGSLTLLLEF SSPASRGPAS 60
LSPGGIRLLL PPPHLLPGQ PACPAVMCD KEFMWALKNG DLDEVKDYVA KGEDVNRTLE120
GGRKPLHYAA DCGQLEILEF LLLKGADINA PDKHHITPLL SAVYEGHVSC VKLLLSKGAD180
KTVKGDGLT AFEATDNQAI KALLQ 205

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

55

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TMLVAITVLI YPNFIQEYIR QTAPNFPYRD DVMSVNLPVW ALLFFCLLAL ILTFKG 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

LCPEQCWLQS LCLFIQTSFR NTYGKLLLIIF PTEMMSQ 38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

HDIISVGKIR SSLPYVFLNE VWINKHSDCN QHCSGQSQRS ANRRMADPAA RC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

DE 198 18 620 A 1

| | |
|--|----|
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 5 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: | 10 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| : | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264: | |
| RNMSSFSRAP QQWATFARIW YLLDGKMOPP GKLAAMASIR LQGLHKPVYH ALSDCGDHVV 60 | |
| IMNTRHIAFS GNKWEQKVYS SHTGYGGFR QVTAAQLHLR DPVAIVKLAI YGMLPKNLHR120 | 20 |
| RTMMERLHLF PDEYIPEDIL KNLVEELPQP RKIPKRLDEY TQEEIDAFPR LWTTPEDYRL180 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265: | |
| (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren | 25 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 35 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 40 |
| : | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265: | |
| VIGYPSRINS EPSPVIYNRP GNNVKLNCMA MGISKADITW ELTDKSHLKA GVQARLYGNR60 | 45 |
| FLQPQGSMTN SACHKEGW 78 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266: | |
| (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren | 50 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 60 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 65 |
| : | |

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

ATPLCGMLNG SLIPGVVEIC FHTDEPEPLP SDATYPLTPT

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

VGIWQEDHLP QSLGFLNKKE IVFLSWLLRL LKLALPLKYD ISFAVLNLKL VASSVAHFQF 60
LYQASLLSFP LRMGQVCSGG HSVRFSSRGFG RGFKGKYSYG RMGSGVKVGD KGGRAKGGVE120
GWGPYLDGRM PGGQGGK 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

LVYYPKQGTKE PGKRSQHVVR DTQDTLRDQS GSTPVLLPEC LCVNPCFLQN KRQQRKLLNQ60
NTDPMRNGAC FCDPGELSAR LQELTDGQLL IF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

| | |
|---|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 5 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269: | |
| NLVYTMWLQI YVNVHFEHIY VLWKEMLVTK IRFTLKEEEF YSKHSNILEFK CFKIQSIVFK 60 | 15 |
| VAVKASTYVK TQKEGSSDKN TAPLLCCFSC SLYTLKHL L SGA 103 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270: | |
| (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren | 20 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 30 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270: | |
| FIYKQSKVRD IFAVTLAILS LQSPTSRVQC TSNNSLKTRH LTISVYLVCK VNKKSSIIKE60 | 40 |
| LCFYQRLPS EFLHKLMPSL QL 82 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271: | |
| (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren | 45 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 55 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 60 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271: | |
| | 65 |

LMCLNLLRRT FYSATDFRDE FALDR

25

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

- (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

KIVFNFWGNK VNKEGNAGME VIGHYM

26

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

HVVPYNFHAC ISFLIHLVSP EVKHYFLIPW LVFYLSSANS SLKSVAE

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 55 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

QQHHLPSLG FLNKKEVFL TWLLRLKLA LPLKYDISFA VLNKLKLVASS VPHFQFLYQA60
SLLSFPIRMD MCCSACHVCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

LLHQYHTSSF YTKPVSSVFP LEWTCVQRV MSVMLHAESL VIVLKRKYSE VTMSPE 56

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

HAEQHMSILM GKLRLAWYR NWKCGTDEAT NFKFRTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTT60
SFLLRNPND 69

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

65

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

YILEISPLKP SLAPTSCGLM PQGFPPHFCN PRYPSLSTPS QTPTPGIARE DEGLANCVGY60
VSVVLIRDVH DCQSAFLTSV TTLRCNSSQ KKTFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

PTQFARPKSS RAIPGVGVWD GVDNEGYLGL QKWGGNPWGI SPQEVGASDG FRGDISNIYQ 60
PWALSPCCSQ HGPHTSSLRL TWELVRNAGS PRSIELEAVL TRSPVIFMAQ SSFLRDCRL120
LSAGMRHPWG RCG 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LKQSHSHNQHN LLGQSLHGQS LGWESGMGWI MKDTWGCRSG VGIPGASVHR RWGPAMASGV 60
IFPIYISPGH SRPAAHSMVL TPAASALPGS LLEMQDLPDL LS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

SGVITAEMVW PAKSYLFTIL PVTEQVIDLG LKIKQNSLLR P

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

KFQCPLIVLS AHSLAHLEFY CLWLLFFYKG RVESQQRWS GLQSLIYLLS CLSQNKL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

FYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKVEWSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPRSKNKTTF60
FVKTLKRDKK LPTV 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

VYSANEGQNF QFIDGYSAAD ESLCVSHFNF CKQRHRPRTV RGRTSFSSKL PRHNKENSTF60
ISRKPMECSN EEVVNQGSQD GSMGKF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

DE 198 18 620 A 1

GAEIVFLQNC LGIIRKIALL FQGNRWNVQM RKLLIKGSRM DQWVNFWRQ GGAYIHSNPD60
VIWSGGWK 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

5

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

25

LTSSFEHSI GFLEIKVLFS LLCLGNFEEK LVLPLTVLGL CLCLQKLKWL THKLSSAAE 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

30

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

50

GKEPQPESNS IMVKFPTSS CEWVIRKNEK PKDKNQRQMG SVTGLSSIL NPICYGLTK60
CQGGD 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

55

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

FLSFGSSFFL ITHSQDDSVG NLTMIELLSG WGSFPHRKDI LKTKKYLN

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ARNIQSDLEW MIKIQSQTPS VFDFCLLDPH FS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

LKTLRPLLIS GRIPVISLIR YISE

24

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

DE 198 18 620 A 1

| | |
|---|----|
| (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 10 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290: | |
| LILSYSEGKK NYSEIYLRL ITGILPDISN GLRVFN | 36 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291: | |
| (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren | 25 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 35 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291: | |
| GFLIKYKLN Y LLLGLTIRIP NTQTPQHKAS | 30 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292: | |
| (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren | 50 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 60 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| | 65 |

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

CAKLETGFDF LSYLFAFCAS PSNLVHLSSH SCYFQVKQDI LGVKSLWVFC FYVYKNGFCV60
PFPCYQLIW KLTIIIM 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

VELSLLFPQL SQLLVNFKEA GHDDSHLLSQ NEGRRRWADS LSPGVQDEPG QYGPTSSLTK60
HPH 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

PPKCLVSLEN NMNETKDEPD YLVTHRRRTS SSGNQILFQA WHIKGKKGSE RRVRYHLKP60
QKIWQKTASK SIR 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

DE 198 18 620 A 1

| | | |
|--|----|----|
| (B) TYP: Protein | | |
| (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 10 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | 15 |
| : | | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295: | | |
| SGVITAEMVW PAKSYLFTTL PVTEQVIDLG LNITQNPLLR PSQDIRSFQL | 50 | 20 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296: | | |
| (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren | | 25 |
| (B) TYP: Protein | | |
| (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 35 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | 40 |
| : | | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296: | | |
| VLSAHSLAHL FTYCLWLLFF YQARAESSQQ RWSGLQSLIY LLPCLSQNKL | 50 | 45 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297: | | |
| (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren | | |
| (B) TYP: Protein | | 50 |
| (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | 55 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | |
| (vi) HERKUNFT: | | 60 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | |
| : | | 65 |

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

CYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKLERSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPGSKHHTKS60
 FVKTLPRHKK LPTA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

PLGPASSAFG PSGSKSRSEE GRDGTASPGT FKYHPWSPLS SLREWTSQST SSGLSDLLLC 60
 LYQPWQGSRI HLVGSGPSQY HWGSNKFLEP QSLGPGSQLI GDGVPPQARA EFGTSGHELE120
 GNSVSYELGP WP 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

ESRRGALAGP LSKAGEGRPG WYLNVPGLMS HPFLPHSYSL TLMKARDAG PKGKNVLSVF60
 SGFYSLVSLH 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

GVKAREYRED VFTFRACVSG FGHQQRVGV RKEGMGQHPW DVQVPSWSPF SSLREWTSQS 60
TSSGLSDLLL CLYQPWQGS R IHLVGSGPSQ YHWGSNKFE PQSLGPGSQL IADGVPFKLV120
PARAEFGTSL KGNSVTYELG PWP 143

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

20

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

40

HVALHNYHHN QDPEQFHYHK TPLCYPFLAT PIPSPVPGPW HPFICYVSLQ VLQLTSPKWN60
CCLRILFLC 69

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

PCITTTTTKI QNNSIITRLL CVTPFWPHPS PPLSLAPGTH LSVMYHCERYF N 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

LPPQPRRTI PLSQDSFVLP LSGHTEPLPC PWPLAPIYLL CITAGTSINI T 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

FANWEFMGTE QLQPQLPSPK VWSCRGCROG PTKFNQVSRM QTPAPVSRRV GLAVSLTPPP 60
 SGQSGPSVMG KAAACPATPA SAPSQGLSEF GPVSCWPGSP LLHLIGGRQL LDLCPGCGRS120
 LPSSSSSSS VSNDAPDGP RGLGCFGGVV LGGRGFKYLL YFLFVAATQQ ILLGRASAF180
 LKRVDGDLV VAPAFFAVAG HLHQAVLPG VRVRVRDQET MQVSGLGAL GLGRLSQELR240
 QALHARHPHD VDVVVTAEGL DEREVDLQGD VILLLLVNGQ EAEDHAVVH IHQLGRLVHP300
 HCEAILALSG HQKLLHRGGH RLHLLRRVVA RHELFQRHVA ITHSGCGST AVPREKLQNP360
 SQRAQNLPTL LERSSKTFGK QRNPSRKGGK IYCKVLGEDN PGSCGNQR 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

DE 198 18 620 A 1

| | |
|--|----|
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 10 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305: | |
| GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSILLGVVSM VWPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60 | 20 |
| ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHGWS SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120 | |
| PSCLACLPCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306: | 25 |
| (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 35 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306: | |
| ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60 | 45 |
| LGGAGCWWEW GHRAWLVFPA SLLLLTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307: | 50 |
| (A) LÄNGE: 472 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | 55 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 60 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: | 65 |

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

SESLTHPGEE PGGPPPGGAP TMATPLVAGP AALRFAAAAS WQVVRGRCVE HFPRVLEFLR 60
 SLRAVAPGLV RYRHHRLCM GLKAKVVVEL ILQGRPWAQV LKALNHHFPE SGPIVRDPKA120
 TKQDLRKILE AQETFYQQVK QLSEAPVDLA SKLQELEQY GEFLAAMEK LLFEYLCQLE180
 KALPTPQAQQ LQDVLSWMQP GVSITSSLAW RQYGVDMGWL LPECSVTDSV NLAEPMEQNP240
 PQQORLALHN PLPKAKPGTH LPQGPSSRTH PEPLAGRHFN LAPLGRRRVQ SQWASTRGGH300
 KERPTVMLFP FRNLGSPTQV ISKPESKEEH AIYTADLAMG TRAASTGKSK SPCQTLGGRA360
 LKENPVDLPA TEQKENCLDC YMDPLRLSL PPRARKPVCP PSLCSSLVITI GDLVLDSDDEE420
 ENGQEGEKES LENYQKTKFD TLIPTLCEYL PPSGHGAIPV SSCDCRDSSR PL 472

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

PGFALRGAIG PREGRGGGRG YRSSGRQPL VSWQRQARCG SGGAMSFCSF FGGEVFQNH 60
 EPGVYVCAKC GYELFSSRSK YAHSSPWPAF TETIHADSV KRPENRSEA LKVSCGKCGN120
 GLGHEFLNDG PKPGQSRF 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

SYGATAAFLS RSEASYFRD CETGFRFLPS WTRGQGCAPS ACLPSRSQTI PTLAGLEGFD 60
 QSGSCSDQGG GGWQGRPPFP FCLLSSLGDV GLSFGEDSL SWNWASQGRV QRQGQEKVVR120
 V 121

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

SEQGAKSADS VAAQPRPVPA EGMNHQQMSL FSKKRKGLVQ SRGLGSVLMF QPLRPAFLSR 60
RPGFQLQGGM ANVWPQCGGR LGWVWAARLV TLGGRSFFAF RDKLQRAAEY SESGLPRLGA120
VVQELVAQPI ATLATGHLQG FRSIVLRTLQ HAVGVNGLGE RRPWRRVCIL RAAGEQLIAT180
LGTHVNAREK VILENLAPPEE AAERHGATGT AARLPLPTDQ RLPTRRPPVP ASTSPPLPRT240
NRSPEGESR 249

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

LGSSWIFVNL TVRFCILGKE SFYDTFHTVA DMMYFCQMLA VVETINAAIG VTTSPVLP SL 60
IQLLGRNFIL FIIFGTMEEM QNKAVVFFVF YLWSAIEIFR YSFYMLTCID MDWKVLTWLR120
YTLWIPLYPL GCLAEAVSVI QSIPIFNETG RFSTLPPYPV KIKVRFSFFL QIYLIMIFLG180
LYINFRHLYK QRRRRYGQKK KKIH 204

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

60

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

65

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

RISGCSPRSS CCFQCPTADR FKKPTEQQQN EVFLRSIQKC TVPPLTRTST QVNGLSQCRR 60
WKAALFYVCA QPYSLEVCLA YSNISLSKA VHCYCQFDLH TVFPLDPCYH LDLVCVCVYV120
CLCVCGLVWF ETGSCVTTPG CSAVAQSRLT AALTS 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

AVMDQVMQFV EPSRQFVKDS IRLVKRCTKP DRKEFQKIAM ATAIGFAIMG FIGFFVKLIH60
IPINNIIIVGG 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

5

FRNRKHLERK KKNPQNIQAN LYSVSFSHPH TCSPISKMKN SLPKCIQPPT MLLIGIWIN 60
FTKKPMNPPII ANPIAVAMAI FWNFLSGLV HLLTSRMESF TNCRLGSTNC IT 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

10

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30

DEKLSSKMY S ATNNDVINRN MDQFHKEANE SHYSKSYCCC HGNLLEFFSI RFSASENQPN 60
GVLYKLPTWL NKLHYLIHDC LPNRHLKCQG HVALELADGG PPEPESGFLP 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

35

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

55

GSSEGSYSSQ TETCPLTPSL VTGSMFAQNF LRGLSLQKSN LLPECCLASE NLTLSPSVN 60
GHRCAQGE TSESRAQWHG VALVVRKVG QLYCKRNKYV VQFCKQVCS VVL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

60

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

GKRGQLWSLN LLAPCAGYKT RWSKIALTP NPNAVQDLGA TQPVVWCWF PFFVCLLVSK 60
IALLGTAWKV QAFLARSL ASSPCLHSVP KEDFCSTLWS 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

SQIISNLVDN YSIQELMFSE TVINRIFTSG LAGRLGGRKG RVEGWVAHQN GDEPGKTTML 60
LFLYPLKPIS RVLNDAFFVC FLIGSQISFS IKNWGYKPKE T 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 368 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

| | |
|---|--------|
| WWRLNNKSAK VRQQAADLIS RTAVVMKTCQ EEKLMGHLGV VLYEYLGEY PEVLGSILGA 60 | |
| LKAIIVNVIGM HKMTPPIKDL LPRLTPILKN RHEKVQENCI DLVGRIADRG AEYVSAREWM120 | 5 |
| RICFELLELL KAHKKAIRRA TVNTFGYIAK AIGPHDVLAT LLNNLKVQER QNRVCTTVAI180 | |
| AIVAETCSPF TVLPALMNEY RVPELNVQNG VLKSLSFLE YIGEMGKDYI YAVTPLLEDA240 | |
| LMDRDLVHRQ TASAVVQHMS LGVYGFQCED SLNHLLNYVW PNVFETSPHV IQAVMGALEG300 | |
| LRVAIGPCRM LQYCLQGLEH PARKVRDVYV KIYNSIYIGS QDALIAHYPR IYNDDKNHLI360 | |
| IRLMNLGL | 368 10 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

| | |
|----------------------------|----|
| (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren | 15 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 20 |

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

| | |
|--|-----|
| YPFFTLQORN RVFDISSYVK EMLQNVNCFK LKLPLKRPRY IYLIVYIMFN ICQSILQVCS 60 | 35 |
| FISIKYGYV AQLLKWYICV YICTPNNIVC TFCFLYCICA GFFRLYQCNL CLLRYVQKMS120 | |
| I | 121 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

| | |
|----------------------------|----|
| (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 45 |

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

| | |
|--|--|
| FFFFFFFFF HSNVYFFFFFF FFFFFGKNVI YLHCFHSSTV VLGLNISITL LPPIYILLEY 60 | |
| YYKYNIQFKK TYGETQLMFF SPLYRLSII RLQWKFIWTF SVHILKGRDY TDKA 114 | |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGL TDFSDTFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60
RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNGLC DPYIKITLGK120
KVIEDRDHYI PNTLNPVFCR MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180
FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIRYGGRD240
YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGLQMWV300
DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYYLRVII WNTKDVILDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360
EENKQKTDVH YRSLDGEENF NWRVFPFDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420
IQIWDNDKFS LDDYLGFLLE DLRHTIIPAK SPEKCRLDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480
SMKGWWPCYA EKDGARVMAG KVENTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLENRPET540
SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLEF LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

IRRDKAYLTF KWRDDENPLI QSFRTKRQSS DKSMTWMKCP TGALDIFNFC DYVKEVDFTD60
NGAEANISKR NPNFFP 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

FFLYSFSSDN HDFSFKTIY LAFVSGGELA ISLLKPAIIV NLRTGLSWGSG EGKELFEQMC60
VGGTGFHPTA KLVLEISFY NTKISLCQRF 90

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

20

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40

TRSLLYFHMFLILWEEVGIPFTNVGFCSII CKVHLFHIIA EIKDVQGPCR AFHPCHTLIR60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

45

(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

65

IRNEKKGCVL SVGEMELVLV VLEQDRHLVL MLNSFVIVEH RG

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

ATCSDNRSKI FQLENLECYV LLEPAICMYR INNFYSFGQV ILRQSQWQK

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

PKGVVVNPGA LLSQRTTASE LSACPAPTLP GPVPSHLLIR HSLSSHSL

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ISEVAVNFSV LLLASVCLPI DTHYTNVPSK CSLHICFHCV PTGAMKCVRS PSSGGMSAAL 60
TTAIRIVLCG IFIYINFICT VISLFICQVT ICKSYTHKLL 100

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

EAQKWDCIWT KNYKKVQSLV SRMQALALGD GSSLENAAAD SLFQRRSFER RVCYISFFTV 60
TLWRLFDLVV SCFLKITGIW RPKPFWTDI SSKYFFIKVF EGDDFLDLWL DILGFDPYIV120
LS 122

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

40

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

ENWASRYFQS SFTEQKVWVG HWLEGDSPTL TVTIWAATGG IVQLASRCIP HLKVCWIKAI 60
YTLAKSKAKE IALDPESQDD HLIFFNQHLG QQLPSTFLFH SWFFFFFLLQ DLAVTQDGVQ120
WHDH 124

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LNVDLLITRR ICEKIYVYIY MICRSHFFYQ ALFSLQSHSL TVCNSWFMLM IDKYPVFVTF60
SNYHCNDNLS HVYTCNFLAS FP 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

RLVKYKNSLN REKASQVFPL KVKYGTFFHN KVNDFFKNLTF FRRKKKTSYE PSLVNHLVYK60
IFPLFKKCFC KILRSHEIMP WS 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

KLEYIMSTAN CSFCLILTDY AFPQRSSRSH IYRHIYGSL KEKTLSSIM IYHCAINQKN60
QVRNTIKTTL KGKNF 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

NEYCSWSTCI KQKTCQLLGA NTQNLVPVFF FELTTIVYTF LKIKFVTKSP MSFTCIYDHQ60
MVIRATYVNA CL 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

THNTSTITAY RKLQSTLQAS KVHSVAQSPW RGRDLKVLMS SYFTCFLLST QCKMNFHSL60
YFRLKIDSFL VLTLTLEGT VPGKRSRFTV PNH 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

LGPRGEIEVY LAKSLAEKLY LCQYPVRPAS MTYDDIPHL\$ AKIKPKQQKV ELEMAIDTLN60
PNYCRSKGEQ IALNVDGACA DETSTYSSKL MDKQTFCSS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

GKSRRSACPS ASRNTCWSRR RRPRPRSAQS APLCCGNSWG SGCWPSQAL PSAAWA 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

GRAEGLLVHQ LRGIRAGLVG AGPVHVQRNL LPFAAAIVGV QGVDGHLKLY LLLGLDLG 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLKLPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60
TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEEAAL CPAPGSH 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60
QQTQLQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRAVLTQK120
QKKQHSVLHL VPINATSKDD SDVTEVMWQP ALRRGRGLQA QGYGVRIQDA GYLLYSQVL180
FQDVTFMGQ VVSREGQGRQ ETLFRCIRSM PSHPDRAVNS CYSAGVFHLH QGDILSVIIP240
RARAKNLSP HGTFLGFVKL 260

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESSLEVALM GTRCRTECCF FCFWVSTALL 60
 FRDLSPLSQA SRASELCSSG LCQGYSPFW EGPPVPCSLR TSLRLCSSV CWVSRAMAQA120
 TAPRAAPQLN QRATESAGSL TGPPMLPGGP LGASKKGDEA GMSWGPCQQL WFGQEWGSKEV180
 AGRVRVRVAV QKGRRLLRKE K 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

GRRSRMEIPV PVQPSWLRRA SAPLPGLSAP GRLFDQRFGE GLEAELAAL CPTTLAPYYL 60
 RAPSVALPVA QVPTDPGHFS VLLDVKHFS EELAVKVVGE HVEVHARHEE RPDEHGFVAR120
 EFHRRYRLPP GVDPAAVTSA LSPEGVLSIQ AAPASAQAPP PAAAK 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

TALAQPOASQ AQSPHPPNVL DCTDLPLQTI QAWFPRDPS PATRQSTTAP SSPFSAVKPO 60
PATPDSTLFL RLPQLLDTRP TRTPNTKLYR LSHPNLPRLC TDVLGPLPNS NQTPSP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

DIRAESGEVG VGESVQFGVG CSSWPGVQEL GQSKKGSRVW CGWLGPHGRK WAGGGSCRLS 60
GCRGRIGSWE PGLDGLEWEV CAVQDVWVG GLCLTGLGLG QGCLHNNLVS K 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

DE 198 18 620 A 1

RTEEEKKKKE KNQPPQLPTP KCWSFYVKGR IPGYGHGVYK YVGRFSANSF PTV

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

NELKWTNRAE LSVGWQSWKP AFPASHQLNE VMSIQLRLF EKNNHAFLNP N

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

- (A) LÄNGE: 15 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY 60
YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMKGCLCR GAELSLCFSE FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE120
SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLESEWAV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

RSFLTRSVIK LPKRKTRGET SPGPWAFPLG GVRVVGPPSF QGSRGSFQPR GCEGEGVEEK 60
RRNRERAQRL DDTFFSPGP PAVLAQASSH CHLCVQEIHN KKSKTKPKP KQNPKGKDLG120
QWNEEEGRRG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60
TWGNGMRKRG GEEGRRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAAC VALARHVVEG GRLPIHPVEI120
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

DE 198 18 620 A 1

TLTAHEGRGG KCTEEDASQ QEGCTLGSDP ICLSESQVSE EQEEMGGQSS AAQATASVNA 60
EEIKVARIHE CQWVEDAPN PDVLLSHKDD VKEGEGGQES FEELPSEL 108

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

10

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

30

KFFGNSLHAT PKCTPITLWL FSEKDFSQIV PFTPLRAALG NSPDHLLPPS RHLCVTAGHP60
GLEHPPPPPTD THEYGLP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

35

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

55

TYSIHLHSQT KLKSLKVHKK IAQLKSAEYT QNCHPTVESV FPAILFPPQT SSAPSHPKYA 60
IVEVILIKIL KQKFIVEQFM STKVCLSCSC PVCISSGFII QIKKILKNFL VTACMQPLSV120
PL 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

60

- (A) LÄNGE: 457 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

PVCEPLSCGS PPSVANAVAT GEHTYSEV KLRCLGYTM DTDFTFTCQ KDGRWFPERI 60
SCSPKKCPLP ENITHILVHG DDFSUNRQVS VSCAEGYTFE GVNISVCQLD GTWEPPFSDE120
SCSPVSCGKP ESPEHGFVVG SKYTFESTII YQCEPGYELE GNRERVQEN ROWSGGVAIC180
KETRCETPLE FLNGKADIEN RTTGPNVVYS CNRGYSLEGP SEAHCTENGT WSHPVPLCKP240
NPCPVFFVIP ENALLSEKEF YVDQNVSIKC REGFLLQGHG ITCNPDETW TQTSACEKI300
SCGPPAHVEN AIARGVHYQY GDMITYSCYS GYMLEGFLRS VCLNGTWTS PPICRAVCRF360
PCQNGGICQR PNACSCPEGW MGRLCCEPIC ILPCLNGGRC VAPYQDCPP GWTGSRCHTA420
VCQSPCLNGG KCVRPNRCHC LSSWTGHNCS RKRTTGF 457

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

25

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

45

GVRAASKEIE ELRRAHREGT SRAVTGEGPA AGRMTVPKQT QTPDLLPEAL EAQVLPRFQP 60
RVLQVQAQVQ SQTQPRIPST DTQVQPKLQK QAQTQTSPEH LVLQKQVQV QLQQAEPQK120
QVQPVQVQQA HSQGPQVQL QQAEPKQV QPQVQQAHF TAPRAGAAAA EEAGPDTDFS180
TGAHTGHSQA SRHRELLPGA VFSRPPGAG 210

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

55

(A) LÄNGE: 292 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

GRAGRRATMF SQQQQQQQLQQ QQQQLQQLQQ QQLQQQQQLQQ QQLLQLQQLL QQSPPQARCH 60
 GVSGGPPQQP QQPLLNIQGT NSASLLNGSM RQRALLLQQL QGLDQFAMPP ATYDTAGLTM120
 PTATLGNLRG YGMASPLAA PSLTPPLAT PNLQQFFPQA TRQSLLGPPP VGVPMPNSQF180
 NLSGRNPQKQ ARTSSSTTPN RKDSSSQTMP VEDKSDPPEG SEEAEPFRMD TPEDQDLPPC240
 PEDIAKEKRT PAPEPEPCEA SELPAKRLRS SEEPTEKEPP GOLQVKAQPQ AG 292

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

PRRLPSVAVG MVRPAVSIVA GGIANWSSPC NCKSKALCR MEPLRREAEL VPWRFRSGCC 60
 GCCGGPPLTP WQRACGGDCW SSCWSCSNCC CCNCCWSCC CCNCWSCCCC CWSCCCCWL120
 NMVARLPARP QRSSRPHGWA GPAAPTRPG GSGPRAPGLP AATPGPVGS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

DE 198 18 620 A 1

ISKTKKYCGS PSSRIRLEGG HLEMRKARGG DHVPVSHEQP RGGEDAAAQE PRQRFEPELG 60
LKRAVPGGQR PDNAKPNRDL KLQAGSDLRR RRRCLCPHAE GQLAFRDGVI IGLNPLPDVQ120
VNDLRGALDA QLRQAAGGAL QVVHSRQLRQ APGPPEES 158

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 359:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

QSLRTLNLKN KKVWISLEP NSARGRSPGD EKGPRGGPCA CVPRAAERRG GRCCPGAQAE 60
ARARAGAOTS CPGGPEAGQC QAQPGPETAG WLRPPEATAG PWPSCRGSAG PEGWGHWP 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

PPEFGWDAAE TDLLLAEEGS GWRGPHGQOV LGLLWRPRRL SKLPAVDHLQ SSPRSLAEIG 60
IQGATEVVHL DIRQGVKAND DPIPGRQLTL CMRAKVPPSP PEVGASLQFQ VPVGLGIVRP120
LAPRDSSFEP QLWLWFLPGL LGSSVLPASR LLVGHHRMVP PAGLSHLQVT ALEPNSARGR180
STVLEFCF 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60
TGHPSVMPM KPHLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

ITKAIVFSFV FSSGYTVEVR ESLILFGAI IKAMQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60
NLMGPEEKTG VNVLSFYMQ ELC 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

DE 198 18 620 A 1

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSPAASFLI FLKTVCF'CGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTORQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTSO FIKGLPANKV HPKYTG EKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

SCRCFYCPD MPLTRFWRTF NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60
SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

QYGPSRVEVE MSYRIANTLG SFLPRLAQSR QQQQNVEDAM KEMQKPLARY IDDEDLDRML 60
REQEREGDPM ANFIKKNKAK ENKNKKVRPR YSGPAPPPNR FNIWPGYRWD GVDRSNGFEQ120
KRFARLASKK AVEELAYKWS VEDM 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

KPTKHRCCQH PKKYRYLNPV IRSRIFFCGQ NWHSTSCWSV WAPIISTDNC YHWISRCLCP 60
LPQPSHPSL RKVTYPQHSI CRQVPLPSC WQAWQSASVQ IHWICPLRPS DIQARY 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

SSENPPNTAA VNTPRSTGTS IQTSGLEYSS VVKTGIOQVA GLCGLQLLAQ TTVTTGYLAA 60
YAHYHSPATP TASCKLHILN TPFVGKFLHC LLAGKPGKAL LFKSIGSVHS VPAISRDPDIK120
SVGRRCWTTV ARSHFFILVL LGLILLDEVG HRVPLSFLFS 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 227 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

WESMNRWYVK PLETSSSKVK AKTIVMIPDS QKLLRCELES LKSQLQAQTK AFEFLNHSVT 60
 MLEKESCLQQ IKIQQLLEVL SPTGRQGEKE EHKWGMEQGR QELYGALTQG LQGLEKTLRD120
 SEEMQRARTT RCLQLLAQEI RDSKKFLWEE LELVREEVTF IYQKLQAQED EISENLVNIQ180
 KMQKTQVKCR KILTKMKQOG HETAACPETE EIPQEPVAAG RMTSRRN 227

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369: 10

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel 15
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT: 25
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369: 30

FIFSLEGSSG RAVPAAQAGG KGGALLLKGG WERSWSESES ESQEGSGGLR HWCPLWPLRL 60
 EALGQAPEHK VRLSMEFCST CTADHISLSS FWRSSFQQPL APAVSLQSPD RRLSHDPAAS120
 SWSGFCGISP AFSAFSECSP SSLRSHPPAL GASDR 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370: 35

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren 40
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 45

(iii) HYPOTHETISCH: ja 50

(vi) HERKUNFT: 55
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370: 55

DLILLRLELL IDEGHLLPHQ FQLLPQELLA VPDLLGQQLQ AASGAGPLHL LTVTQGLLQP 60
 LKALGQGPIQ LLPALLHAPL VLLLLSLAAC GAQHLFKLLN LDLLQAALLL QHGH 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371: 60

65

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TASTLRVFP RPASESPPLR ARSDAEDLTA AMSSNECFKC GRSGHWAREC PTGGGRGRGM 60
RSRGRGFQFV SSSLPDICYR CGESGHLAKD CDLQEDACYN CGRGGHIAKD CKEPKREREQ120
CCYNCGKPGH LARDCDHAE QKCYSCGEFG HIQKDCTVKV CYRCGETGHV AINCSKTSEV180
NCYRCGESGH LARECTIEAT A 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

LATAVTVDFE CLAAVDGYMT SFTTPIALHF GAVFLNVSEF STRIAFLLIC MVAVTSQMAW 60
FATVVAALLS LSLGLLAVLG NVATSTAVIA GILLKITILG KMTRLTTAIT NIWKRRGNKL120
ETSATASHST TTASTSRTFP GPVARSSLE ALIAAHGCSQ IFRVGAGPQR RRLGRRPGED180
GSQGRGCLF 189

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

- (A) LÄNGE: 316 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

GGDPVVSSSY RSVGCSEQQK PASSDVVLPV TMSYTGfVQG SETTlQSTYS DTSAQPTCDY 60
GYGTWNSGTN RGYEGYGYGY GYGQDNTNY GYGMATSHSW EMPSSDTNAN TSASGSASAD120
SVLSRINQRL DMVPHLETDM MQGGVYGSGG ERYDSYESCD SRAVLSErDL YRSGYDYSEL180
DPEMEMAYEG QYDAYRDQFR MRGNDTFGPR AQGWARDARS GRPMAAGYGR MWEDPMGARG240
QCMMSGASRLA LPLLPEHHFR VRHVPGACEV GAPSRAASRF GFRVWQWHEA DEGGLGRRGP300
QPICEPRRRR ESRAAF 316

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 200 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPAALLTGSI RMPPCFLEFF LVRKSAVVPV FPVRPHLLHA IAKPENQNGK PPGKAPQPRM 60
PLEHAVLGDD VLGEEGGQAE RHQCTGPGP PWGLPTCAHS LRPLAGRSGH PGPSVPWDR120
RCRCHACGTG RGRHRIGPHR PFPSQGQARC SHSLTGTGRA HSGRPSSRRT HKSHTFHLHS180
RTRLLASCLS PNAAPYLSAG 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

STSHDCVPQA DAAAYSRTAD GETEARGGRG GADLPASPSR RPRLAPPWPV RSTRGARRRR 60
TARGQAGSSS AMAAQRLLGKR VLSKLQSPSR ARGPGGSPGG LQKRHARVTV KYDRRELQRR120
LDVEKWIDGR LEELYRGMEA DMPDEINIDE LLELESEER SRKIQGLLKS CGKPVEDFIQ180
ELLAKLQGLH RQGLRQPSR SHDGSLSPLQ DRARTAHF 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

NQLKLKQQAG SFSQEGCKGE NILSFLQGN HCPGVPASGR HNLSKVQGML ARKGGILDCC 60
LLSEPSPTPQ PASWCLFSSK LSLPNLSSSE GKRESVPGFS RVGERTGKGT DI 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

VRPEHSLMVL SLDTPTSYLQ FSRRRASGTL GCKPNLGSMF ALNPNSQRRS ECIFHAAAG60
CWPRFCVESQ PSEITSFLVA VTNSSWTMK LIYFPI 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

DE 198 18 620 A 1

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

SNRLVASPKK DARVKTFPPS FCREIIALVC QPVVGTTFQK FKGCWLEKEV FWIAASSQNP 60
LLPHSLPPGV FFPNSLYLT SLHQKASGNL FRVSVWEKEG QAKAQIFRRE SSYFWPLHVP120
YSGIVGPPDW HSDSQLWFEW NIRGS 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

(A) LÄNGE: 429 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

RQFEITSISV DVWHILEFDY SRLPKQSIGQ FHEGDAYVVK WKFMVSTAVG SRQKGEHSVR 60
AAGKEKCVYF FWQGRHSTVS EKGTSALMTV ELDEERGAQV QVLQKKEPPC FLQCFQGGMV120
VHSGRREEEE ENVQSEWRLY CVRGEVPVEG NLLEVACHCS SLRSRTSMV LNVNKALIYL180
WHGCKAQAH KEVGRTAANK IKEQCPLAEG LHSSSKVTIH ECDEGSEPLG FWDALGRRDR240
KAYDCMLQDP GSFNFAPRLF ILSSSSGDFA ATEFVYPARA PSVSSMPFL QEDLYSAPQP300
ALFLVDNHHE VYLWQGWPI ENKITGSARI RWASDRKSAM ETVLQYCKGK NLKKPAPKSY360
LIHAGLEPLT FTNMFPSWEH REDIAEITEM DTEVSNQITL VEDVLAKLCK TIYPLADLLA420
RPLPEGSIL 429

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

DVFHEGDLIG NFRVHLCDSL DVLSVLPAGK HIGECQGLQT SVDKVRLLGGW FLEIFSFAYL 60
EHSIHRTLPV GGPADAGGTS DLVLDGPPAL PEVHLVVIVN KEKCWLGRAV QIFLQEGHGT120
15 DHRGSGSRVH KLCGCKIPRG AAEDQAGRE VKTSRILKHA IVGFVSPS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

GIPESEWLGA FITLVYCDFA ATMQSCFQGT LFLDLVRSGP SDLLRVGLGF ASVPQVDEGL 60
VDVKHHHGSS GPQAATVTGH FQQIPFHGHL STHAVQPPLT LHIFFFLFPP PRVHHHPPE120
40 TLQETGGLLS LENLDLGPPF LVQLHRHQRR RALLTHGGVP ALPEEVDALL FAGCPRVLS180
LLATSHCRAH HELPLDHIGI PLMELPDALF GEPAIVEFQD VPDHGNAGD LKLP 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

DE 198 18 620 A 1

RLFAPLRTSW AVVIPGARVA LCFYKIMTYV TCLHVCLLVE FLNSQLTNHR KYYFLSYGFW60
FTGLRGFSEY LWPQHTQFP S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

IVNRTTACTL FEVNLEWKAR DYTFLFKIDIC GAHTIYEIVP SKKEKKKIRR SNLEQHCLIK60
A 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

PPDFFFLFFR GYFYICVSP TNVYFKKSIV PGLPFQIHLK ESTCSSPVYN LIEMRK 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

- (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

LDSSHCCSCS TALFRTQTTA AAVPRMVIRV YIASSSGSTA IKKKQQDVLG FLEANKIGFE 60
EKDIAANEEN RKWMRENVPE NSRPATGYPL PPQIFNESQY RGDYDAFFEA RENNAVYAFL120
GLTAPPGSKE AEVQAKQQA 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

ETKHILLFLL NRCRARGRCN IYTDHHPGNS GCGCLGPEKG CGAAAAMAGI QLGAETAVGR60
EGWGKVEGEL ARAPPPPLAA STELSKRCSS SPKPR 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

DE 198 18 620 A 1

FCIHFECLHV KTQLIIYFNI KPISFFAKLI LLFYKSNQDS FFRMLKZQCL RFMLAALLAL60
LLPLNQVGLS SLRRHTLHYF LWLQRRHSP RDTGFH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

- (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

FIMLNIIILIK FSSFSIRCAI LSSVCLNEAI TFAFLQVFL WNMDKYTMIR KLEGHHDVV 60
ACDFSPDGL LATASYDTRV YIWDPHNGDI LMEFGHLFPP PTFIFAGGAN DRWVRSVSFS120
HDGLHVASLA DDKMVEFWRI DEDYPVQVAP LSNGLCFAFS TDGSVLAAGT HDGSVYFWAT180
PRQVPSLQHL CRMSIFRVMP TQEVQELPIP SKLLEFLSYR I 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

KGGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQGKMN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60
LENEGKTENK GKTGDEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

RFPYLGFPPLS RPPPSLTLPPL SLTFLLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60
 LPEYKLLLAFL SRLVAVLHFP SFLGLKPFLLH FHCVRVFCRD FPSFSCFAGI LDRLLLLFSF120
 AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 24–127.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1–127, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 128-390.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann. 5
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 128-390, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor.
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor verwendet werden können. 10
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 in sense oder antisense Form.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasen tumors.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen tumor. 15
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 128-390.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 20
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127.
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 25
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

30

35

40

45

50

55

60

65

- Leerseite -

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

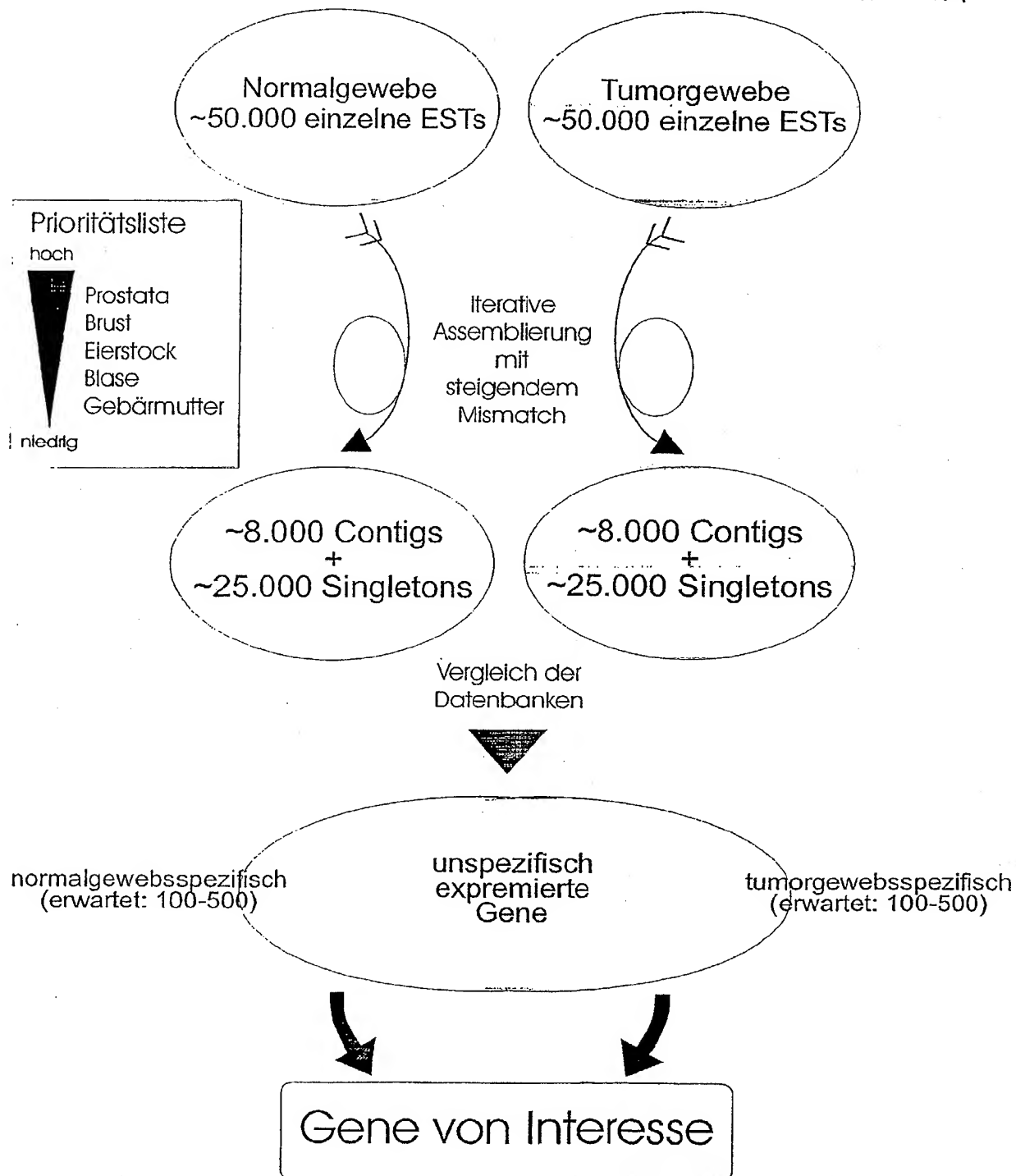


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

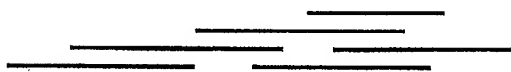
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)



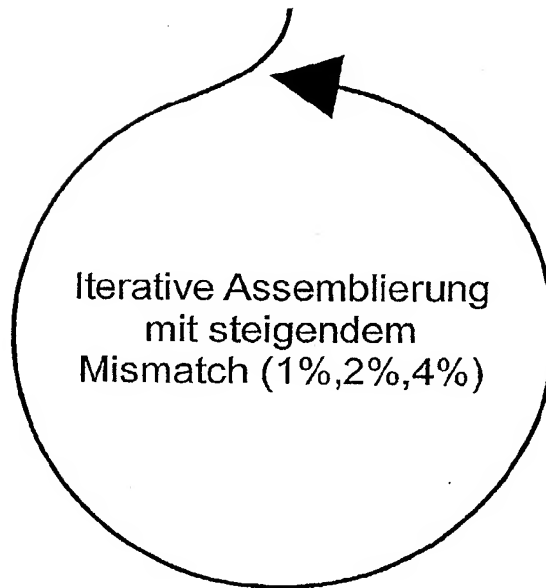
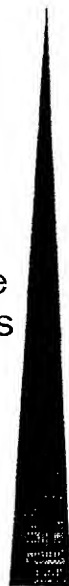
Contigs



Singletons



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

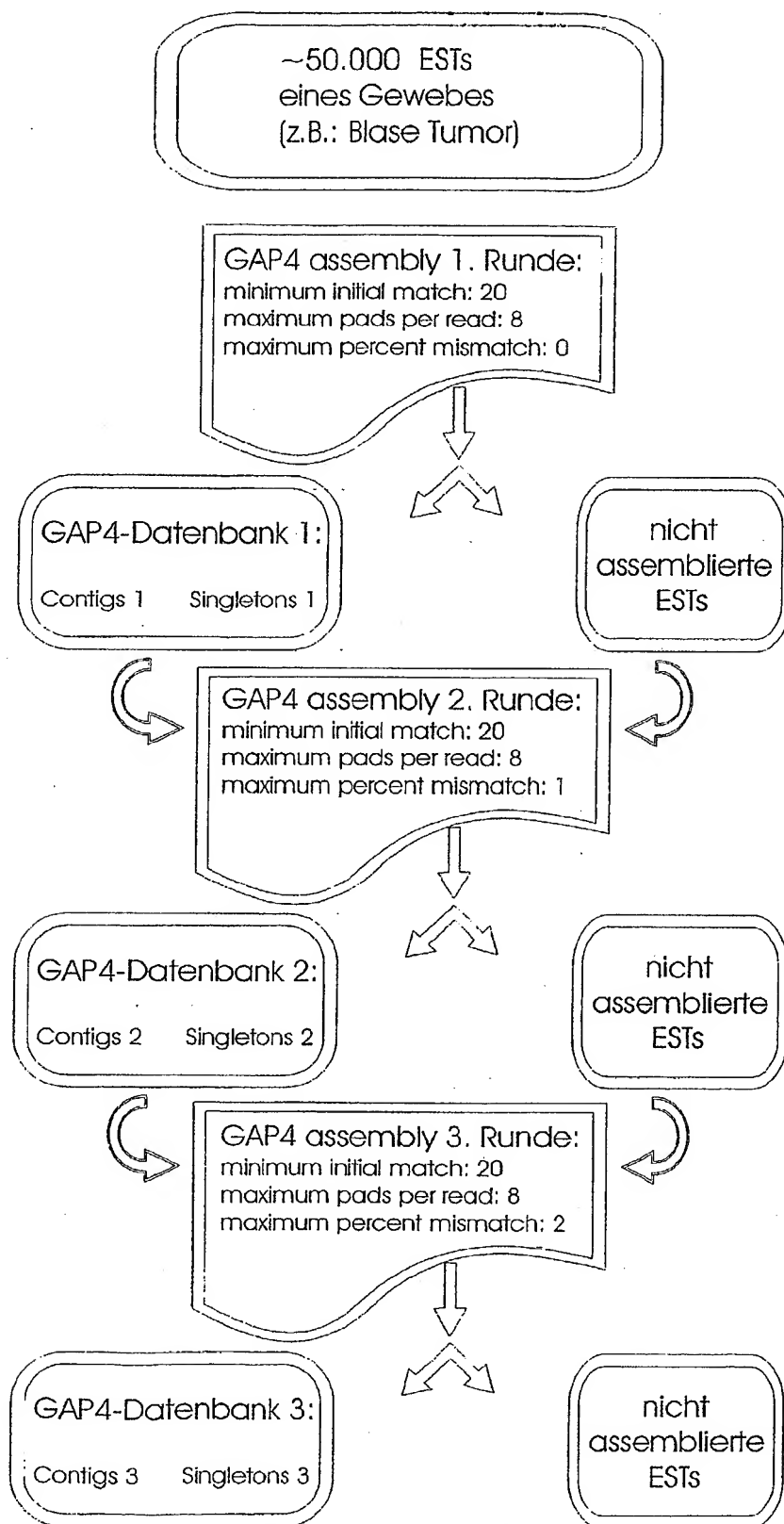


Fig. 2b1

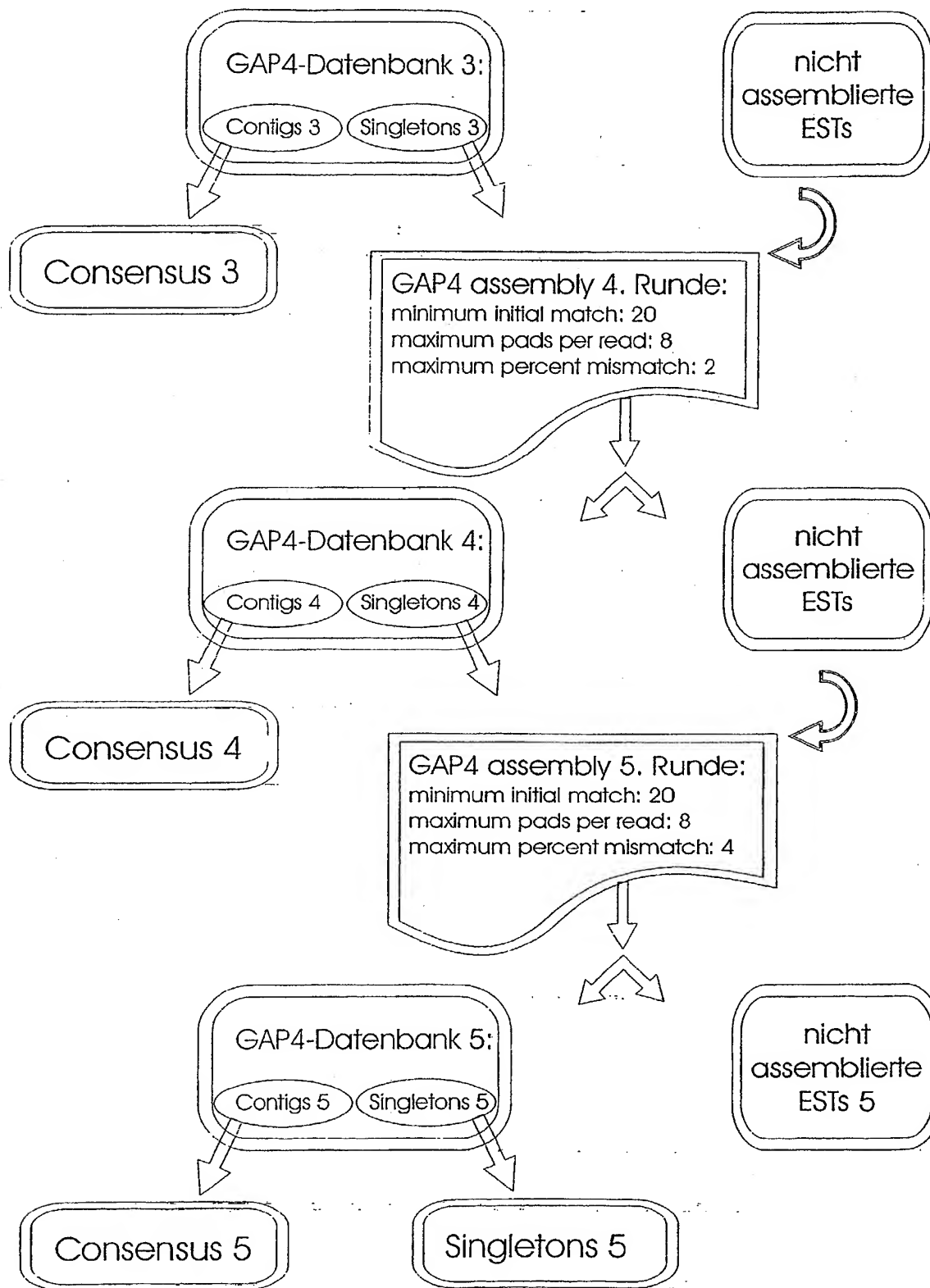


Fig. 2b2

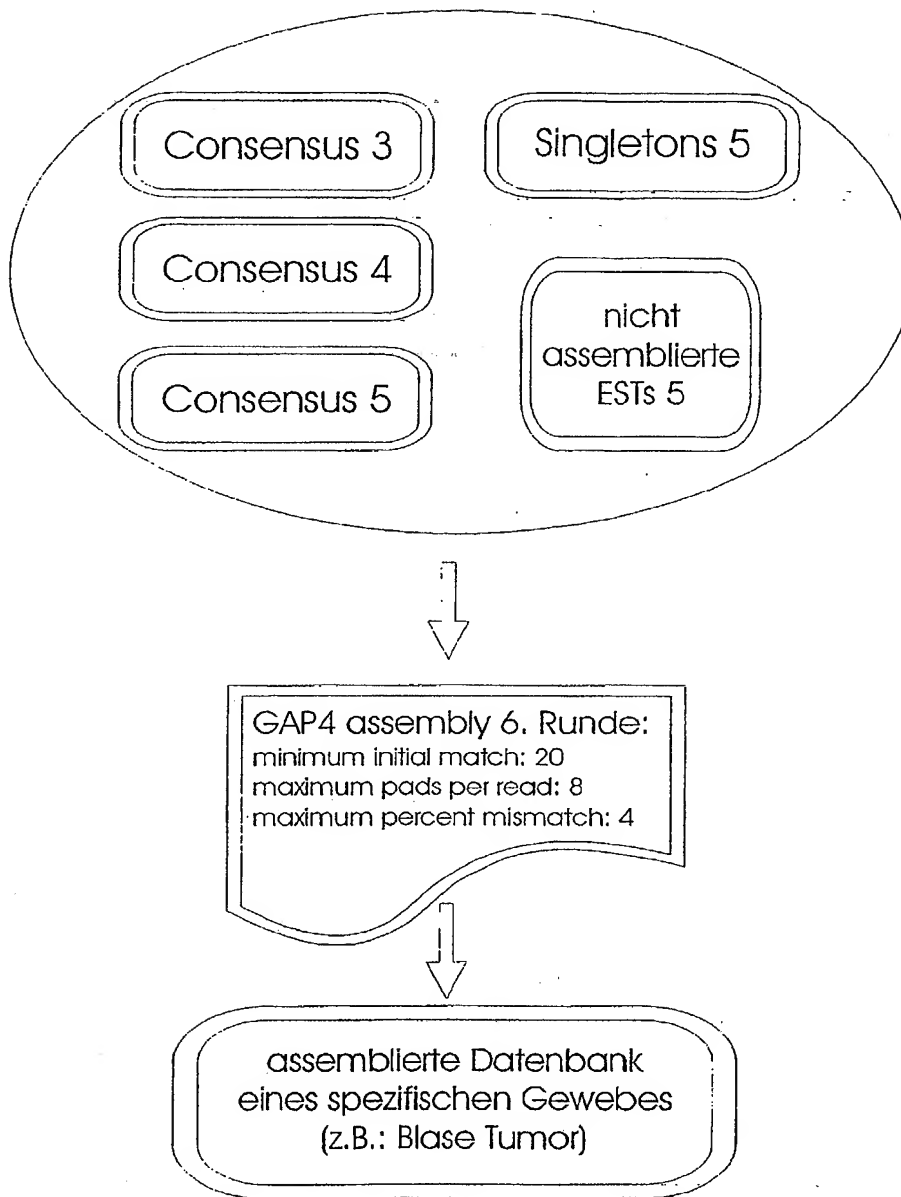


Fig. 2b3

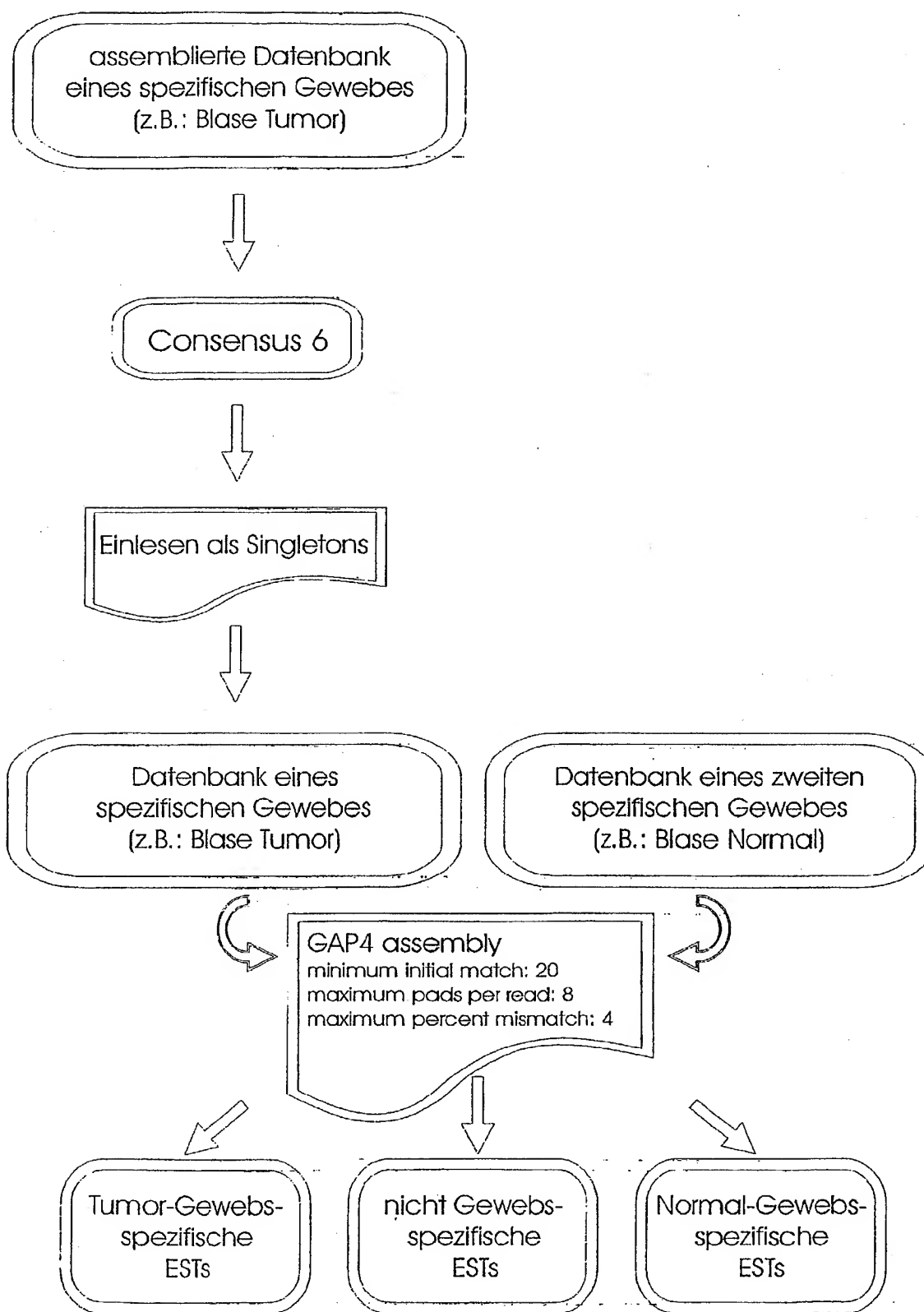


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

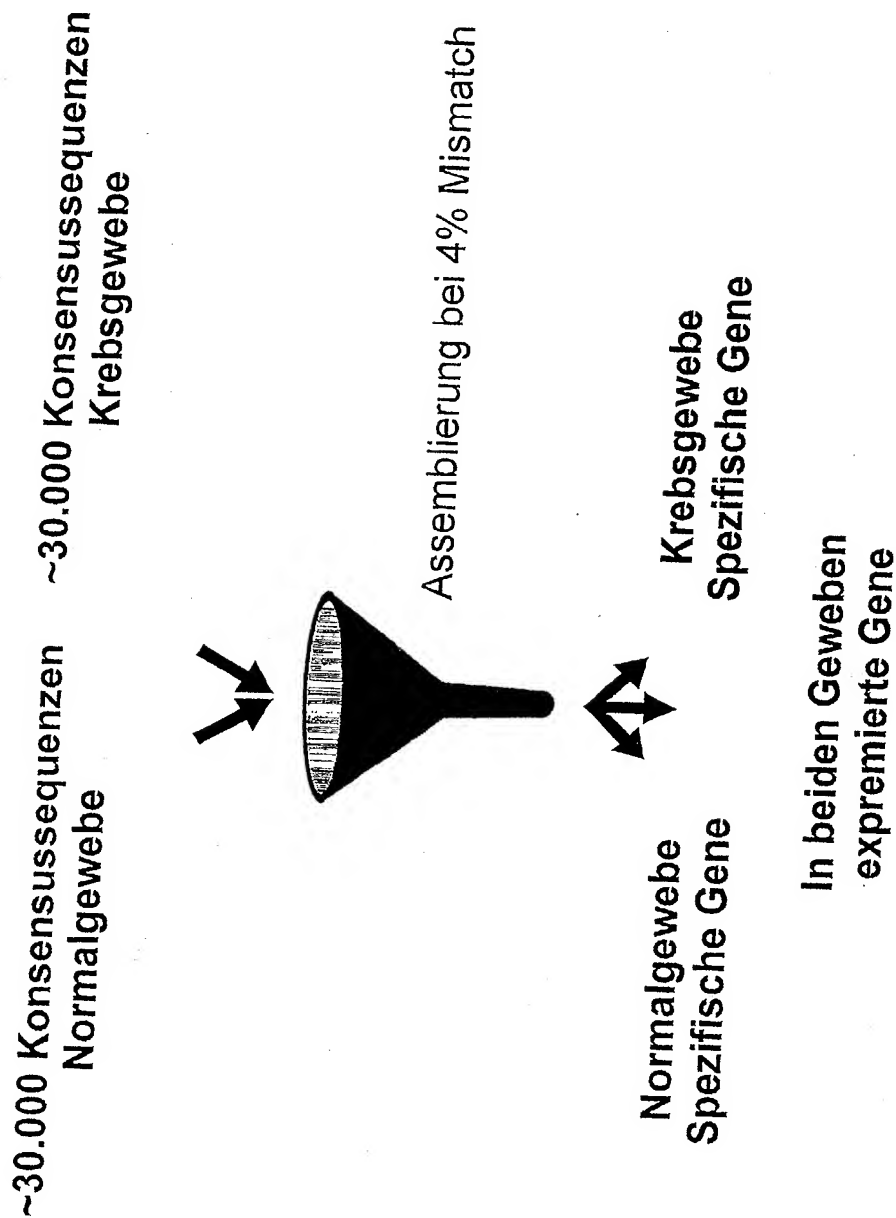
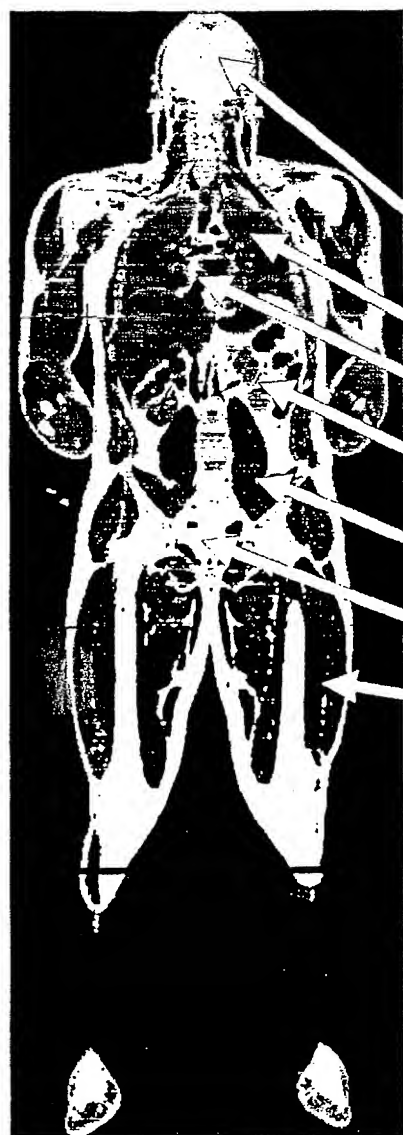


Fig. 3



Gene von Interesse



Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)



Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

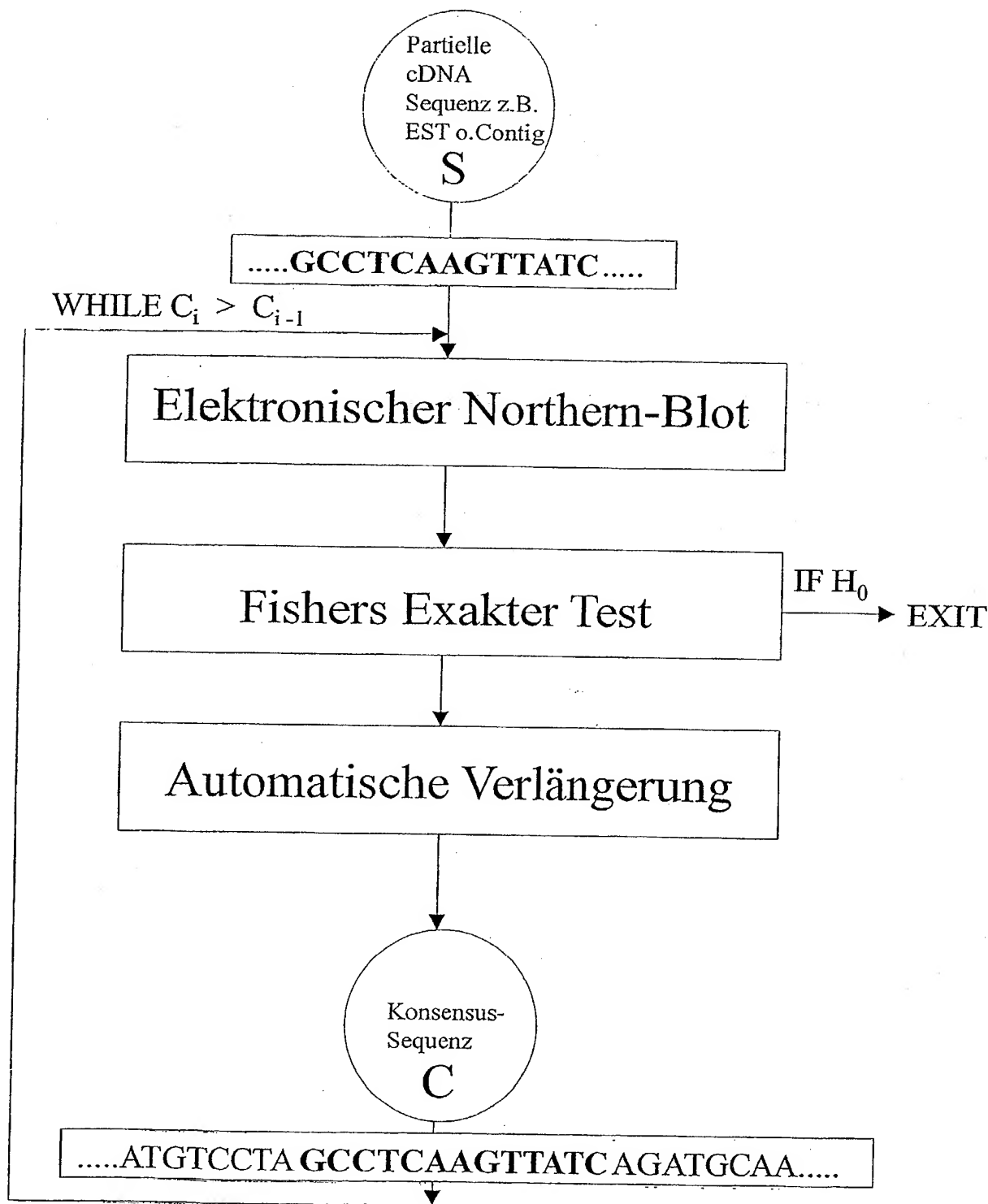


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5